ISSN 0022-4847
DOI:10.6156/JTAR

台灣農業研究

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

Vol.64 No.4 2015

研究報告

243 透氣處理對香蕉組織培養苗生長、馴化與氣孔發育之影響
陳涵葳、吳明哲、陳威臣

253 野生稻DNA分子標幟之開發與應用
林彥蓉、簡祥庭、金漢煊、林鋐穎、顏信沐、卓緯玄、吳東鴻、賴明信、李長沛

279 園藝作物野生近緣種地理資訊系統之建置與應用展望
張淑芬、邱輝龍、邱文良、陳建文

290 赤帶薊馬（*Selenothrips rubrocinctus*）對荔枝葉片之危害與殺蟲劑藥效測試
王泰權、盧慧真、黃守宏、張仁育

299 運用分子標幟輔助選拔提升香米品系「嘉農育911303」之耐旱性
郭介煒、林昆鴻、吳永培、林彥蓉、徐仁浩、許育嘉

317 穀粒充實期間氣象因子對「台稉9號」產量與米質性狀之影響
何佳勳、楊純明、蕭巧玲、賴明信

研究簡報

330 東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 植物揮發性成分餌劑應用性評估
董耀仁、陳健忠

336 植物揮發性成分對東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 之誘效評估
董耀仁、陳健忠

行政院農業委員會農業試驗所出版

《台灣農業研究》編審會

總編輯

楊純明／農業試驗所作物組

領域主編（按筆劃序）

王強生／中興大學農藝系
申　雍／中興大學土壤環境科學系
安寶貞／農業試驗所植物病理組
呂秀英／苗栗區農業改良場
柯文雄／中興大學植物病理學系
侯豐男／中興大學昆蟲學系
郭鴻裕／農業試驗所農業化學組
高景輝／台灣大學農藝學系
陳世銘／台灣大學生物產業機電工程系
陳吉仲／中興大學應用經濟系
陳宗禮／中興大學農藝系
陳健忠／農業試驗所應用動物組
陳琦玲／農業試驗所農業化學組
陳福旗／屏東科技大學農園生產系
黃振文／中興大學植物病理學系
黃肇家／農業試驗所作物組
黃鵬林／台灣大學園藝暨景觀學系
鄔宏潘／中央研究院植物暨微生物學研究所
曾夢蛟／中興大學園藝系
蔡致榮／農業試驗所
蔡新聲／朝陽科技大學生化科技研究所
歐錫坤／農業試驗所作物組
簡立賢／中興大學應用經濟系
蘇正德／東海大學食品科學系

編輯助理

李妙君／農業試驗所《台灣農業研究》期刊編輯室
吳宜晏／農業試驗所技術服務組
陳相君／農業試驗所《台灣農業研究》期刊編輯室

台灣農業研究

第六十四卷　第四期　　　　中華民國一〇四年十二月十五日

出版者　行政院農業委員會農業試驗所
發行人　陳駿季
總編輯　楊純明
地址　41362 台中市霧峰區萬豐里中正路 189 號
網址　http://www.tari.gov.tw
電話　(04)2331-7236
E-mail　jtar@tari.gov.tw
線上投審稿系統　http://aspers.airiti.com/JTAR

編印　Airiti Press Inc.
地址　23452 新北市永和區成功路一段 80 號 18 樓
電話　(02)2926-6006
E-mail　press@airiti.com

定價　新台幣一七五元
展售門市　1. 國家書店 / 10485 台北市松江路 209 號 1 樓 / 電話 : (02) 2518-0207
國家網路書店 http://www.govbooks.com.tw
2. 五南文化廣場 / 40042 台中市中山路 6 號 / 電話 : (04) 2226-0330

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):243–252 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.01

研究報告

透氣處理對香蕉組織培養苗生長、馴化與氣孔發育之影響

陳涵葳 [1] 吳明哲 [2] 陳威臣 [1,*]

摘要

陳涵葳、吳明哲、陳威臣。2015。透氣處理對香蕉組織培養苗生長、馴化與氣孔發育之影響。台灣農業研究 64(4):243–252。

香蕉組培苗需要馴化後才能適應外界環境。在本試驗中組培瓶封口方式改以不織布材質取代鋁箔，以增加瓶內頂部空間的透氣效率，4 種透氣處理分別為：不透氣 6 wk (hermetically sealed for 6 weeks; S6V0)、不透氣 4 wk 後透氣 2 wk (4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation; S4V2)、不透氣 2 wk 後透氣 4 wk (2 weeks sealed followed by 4 weeks ventilation; S2V4) 及透氣 6 wk (ventilation for 6 weeks; S0V6)。在 S4V2、S2V4 與 S0V6 處理下，瓶內乙烯累積低於偵測極限，而完全密封之 S6V0 處理可測得高濃度乙烯累積 (203.3 nL L^{-1})，且 S6V0 處理之小植株具有較多的不定根。S2V4 與 S0V6 透氣處理之小植株其氣孔指數較完全密封處理者為高，氣孔密度亦隨透氣處理週數增加而提高。S6V0 與 S4V2 處理下的離體葉片氣孔可見永久開啟特徵，其氣孔閉合率分別為 6.67% 與 26.64%。香蕉組織培養苗成活的關鍵在於控制水分散失，因此瓶苗氣孔功能相當重要。在本試驗中透氣處理後組培瓶內無乙烯累積，且組培苗之氣孔功能正常、壯苗指數也比較完全密封處理為佳。本試驗之結果顯示，透氣處理對香蕉組培苗商業生產有正面助益。

關鍵詞：透氣、香蕉組織培養、氣孔指數。

前言

組織培養大量繁殖技術對種苗商業生產極為關鍵，具有遺傳性狀穩定、無病毒，繁殖時間短、空間利用較為經濟等優點，目前廣泛應用於園藝、農藝及森林產業，未來此項產業之產值更將隨著關鍵技術之開發而成長。香蕉組織培養苗具有健康無病毒，適合集團栽培與機械化省工之優點，自 1983 年起推廣至 2012 年累積提供種苗 6,500 萬株 (Lee *et al*. 2013)；但香蕉組培瓶苗可見玻璃質化 (vitrification) 現象，偶有芽體異常、葉片捲縮、發根困難等情形，影響香蕉組培苗出瓶移植成活率 (Liu *et al*. 2006)。組培苗生長發育受組培瓶內部環境影響極大，瓶內環境常具下列特徵，包括無日夜溫差、高相對溼度、低光量子通量密度 (photosynthetic photon flux density; PPFD)、極大的二氧化碳濃度變化、營養豐富碳源充足之培養基、以及毒性物質的累積。在這樣的條件下培植體本身蒸散速率降低，同時也伴隨光合作用效率低下、水分養分吸收速度緩慢的現象。培植體呼吸速率相對提高，常造成組培瓶苗生長遲緩，或是葉片型態異常 (Aitken-Christie *et al*. 1995)。覆盆子 (*Rubus idaeus*) 組培苗常表現高細胞含水量、喪失氣孔功能及低光自營 (photoautotrophic) 效率等特徵 (Donnelly *et al*. 1985)，而瓶內高相對濕度則易造成蘋果 (*Malus* spp.) 組培苗的玻璃質化，且常見角質與表皮細胞之不連續、葉肉柵狀組織與海綿組織發育不良、氣孔保衛細胞型態改變及細胞內葉綠素含量減少等現象 (Chakrabarty *et al*. 2005)。康乃馨 (*Dianthus caryphyllus*) 組培苗亦可見葉片缺乏臘質與氣

投稿日期：2014 年 12 月 17 日；接受日期：2015 年 3 月 18 日。
* 通訊作者：UCChen@tari.gov.tw
[1] 農委會農業試驗所生物技術組助理研究員。台灣 台中市。
[2] 農業科技研究院植物科技研究所研究員兼所長。台灣 新竹市。

孔功能不健全的特性 (Majada *et al*. 2001)，增加植物組織培養容器之氣體通透性，可提升組培苗出瓶成活率 (Majada *et al*. 2000)。以多層藥包紙取代慣用之鋁箔封口，可增加瓶內氣體通透性，改善台灣雙鋸齒葉玄參 (*Scrophularia yoshimurae*) 組培苗葉片型態，增加組培苗出瓶存活率達 66.7% (Chen *et al*. 2006a)，並可提升高氏柴胡 (*Bupleurum koai*) 組培苗發根率與出瓶存活率 (Chen *et al*. 2006b)。

本研究探討在不同透氣處理下，對於新北蕉瓶苗與出瓶馴化苗之生長發育影響，並從葉片氣孔發育情況，進一步瞭解透氣處理對氣孔生理之影響，期能提升新北蕉組培苗出瓶成活率及馴化速度，提供香蕉組培苗繁殖業者參考。

材料與方法

植物材料、透氣處理與生長指標量測

本試驗所使用的新北蕉苗購自台灣香蕉研究所，經無菌處理與組織培養繼代繁殖後，挑選苗齡約 1 mo，大小一致且未發根之瓶苗進行試驗。無根瓶苗培養於 B3 固態培養基 (1/2 MS salts, 340 mg L^{-1} $NaH_2PO_4 \cdot H_2O$, 160 mg L^{-1} adenine sulfate, 3% sucrose, pH 5.5, 0.7% agar)，於 25℃ ± 2℃、12 h 光照環境下培養。組培瓶口以雙層鋁箔覆蓋，並以保鮮膜包覆固定，透氣處理開始時，改以直徑 3 cm 之不織布圓片 (F-035，密度 0.13 g cm^{-3}，鉅瑋，台中市，台灣) 取代雙層鋁箔，配合雙層透氣蓋 (中華民國專利第 349579 號) 固定於培養瓶上。本試驗 4 種處理分別為：不透氣 6 wk (hermetically sealed for 6 weeks; S6V0)、不透氣 4 wk 後透氣 2 wk (4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation; S4V2)、不透氣 2 wk 後透氣 4 wk (2 weeks sealed followed by 4 weeks ventilation; S2V4) 及透氣 6 wk (ventilation for 6 weeks; S0V6)。每處理 3 重複，每 1 重複內有 5 株新北蕉無根瓶苗。待為期 6 wk 的透氣處理結束後，抽取瓶內氣體進行分析。小植株出瓶後定植 3 吋盆放置溫室，利用透明塑膠袋覆蓋避免蒸散作用太過旺盛，3 d 後將塑膠袋取下，以出瓶當天為第 0 天，每 15 d 記錄株高。而其他生長指標，如鮮重、乾重、第一展開葉葉面積、假莖直徑以及根的數目、根長度、增殖倍數 (公式 1)，則分別在第 0 天與第 45 天量測，並於第 45 天馴化結束後計算出瓶成活率與壯苗指數 (公式 2)。

增殖倍數 (multiplication rate)

$$= \frac{\text{6 wk 處理結束後小植株數目}}{\text{起始培植體數目}} \tag{1}$$

$$\text{壯苗指數 (vigor index)} = \frac{\text{假莖直徑}}{\text{株高}} \times \text{乾重} \tag{2}$$

組織培養瓶內乙烯測量

新北蕉小植株出瓶前利用氣相層析儀 (gas chromatography, model “GC-430”, Varian Inc., Palo Alto, CA)，搭配火焰離子檢測器 (Flame Ionization Detector; FID) 進行瓶內乙烯含量測定。本試驗共有 4 種透氣處理，每個處理 3 重複，每重複以氣密針抽取瓶內上部空間 (head space) 氣體進行分析。氣體進樣量為 1 mL，毛細管柱 25 m × 0.53 mm × 0.7 μm (model “cp7584”, Varian Inc., Palo Alto, CA)，管柱溫度為 60℃，氣化室及檢測器溫度為 130℃，以氮氣為載流氣體，氣體流速設定 15 mL min^{-1}，氫氣為燃燒氣體，流速設定 30 mL min^{-1}，氣體分析時間為 2 min。資料使用 Galaxie Chromatography Data System (Varian Inc., Palo Alto, CA) 軟體進行分析。

新北蕉小植株葉片氣孔型態、數目之觀測

隨機選取 4 種處理之新北蕉小植株，取樣位置固定為植株第一完全展開葉的尖端靠近中肋部位，以雙面剃刀切取 0.5 cm × 0.5 cm 之葉片，用雙面膠固定於樣品載台，葉背朝上。對照組為出瓶馴化成活的新北蕉小植株 (after acclimation; Aa)，取樣位置與方法同前面敘述。開瓶取樣至樣品固定之時間為 20 min，以掃描式電子顯微鏡 (field emission gun scanning electron microscope, FEG-SEM, model “JSM-6330F”, JEOL, Japan) 進行觀測，並記

錄氣孔直徑、單位面積氣孔數、氣孔指數 (公式 3)、表皮細胞數目與氣孔閉合率。

氣孔指數 (stomatal index)

$$= \frac{\text{單位面積氣孔數}}{\text{單位面積氣孔數 + 單位面積表皮細胞數}} \times 100\% \quad (3)$$

試驗資料統計

本試驗調查所得各項數據，以 Microsoft Excel 軟體進行試算，並以 SAS-EG (SAS Enterprise Guide, Version 4.1, 2006) 統計軟體進行變方分析 (analysis of variance; ANOVA)，再以最小顯著差異性測驗 (least significant difference test; LSD test)，比較 5% 顯著水準下各處理間的差異。

結果

不同透氣處理對瓶內乙烯含量與瓶苗生長之影響

為瞭解透氣處理影響瓶內氣體交換效果，於小植株出瓶前偵測瓶內上部空間乙烯含量，結果顯示僅在完全密封處理 S6V0 之瓶內可偵測到 203.3 nL L^{-1}，其餘處理瓶內乙烯均低於最低偵測極限 (表 1)。出瓶當天各處理之新北蕉小植株高度介於 2.2–2.4 cm 間，處理間無顯著差異；S0V6 處理之小植株根長度為 8.4 cm 顯著較長，根數目則以 S0V6 處理之 7.5 最少 ($P < 0.05$) (表 1)，S6V0 處理之小植株次生根分枝較多，顯示透氣處理週數增加，次生根與根毛發育較少但較長 (圖 1I–L)。新北蕉小植株第一完全展開葉面積及假莖直徑隨不同透氣處理而有顯著差異，S6V0 處理之小植株葉面積為 5.6 cm^2，較透氣處理之 S4V2、S2V4 與 S0V6 為大 ($P < 0.05$)；小植株假莖直徑則以 6 wk 透氣處理之 S0V6 顯著較高 ($P < 0.05$)，達 0.65 cm。不同透氣處理之小植株乾物重並無顯著差異，但鮮重則隨著透氣處理之週數增加而遞減，各處理間差異顯著 ($P < 0.05$) (表 1)。透氣處理後小植株葉片質地薄、較硬挺，完全密閉處理之 S0V6 小植株葉片較為柔軟，偶出現小面積水浸狀區塊 (圖 1E–H)。增殖倍數係以不同透氣處理之新北蕉組培苗分株數來計算，S6V0 處理之增殖倍率為 1.4 較其他處理多，但不同透氣處理間差異未達顯著水準 (表 1)。

表 1. 不同透氣處理對瓶內乙烯含量及新北蕉小植株生長參數之影響。

Table 1. Influence of different ventilation closure treatments on ethylene concentration and plant growth parameters in *Musa* spp. ‘Formosana’ plantlets[z].

Item	S6V0	S4V2	S2V4	S0V6
$[C_2H_4]$ (nL L^{-1})[y]	203.30 ± 4.09	ND	ND	ND
Plant height (cm)	2.42 ± 0.10 a[x]	2.23 ± 0.20 a	2.40 ± 0.20 a	2.36 ± 0.25 a
Root length (cm)	6.56 ± 0.69 b	7.50 ± 0.87 ab	6.86 ± 0.96 ab	8.40 ± 1.28 a
No. of roots	9.00 ± 0.58 ab	8.78 ± 1.35 ab	9.44 ± 0.84 a	7.44 ± 1.26 b
Leaf area (cm^2)	5.64 ± 0.29 a	4.68 ± 0.50 b	4.95 ± 0.63 ab	4.68 ± 0.54 b
Stem width (cm)	0.56 ± 0.04 b	0.59 ± 0.02 a	0.59 ± 0.02 a	0.66 ± 0.04 a
Fresh weight	3.58 ± 0.39 a	3.08 ± 0.43 ab	2.63 ± 0.31 b	2.86 ± 0.18 b
Dry weight	0.21 ± 0.02 a	0.22 ± 0.02 a	0.19 ± 0.02 a	0.18 ± 0.02 a
Multiplication rate	1.40 ± 0.69 a	1.13 ± 0.23 a	1.00 ± 0.00 a	1.06 ± 0.12 a

[z] Different ventilation treatments: (1) S6V0: hermetically sealed for 6 weeks, (2) S4V2: 4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation, (3) S2V4: 2weeks sealed followed by 4 weeks ventilation, and (4) S0V6: ventilation for 6 weeks.

[y] Ethylene concentrations were measured at the end of 6 weeks ventilation closure treatment just before deflasked. Values are the mean for 3 culture vessels ± standard deviation, ND represents the ethylene concentration that is lower than the detection limit.

[x] Values are means ± standard deviation (n = 3). Means followed by the same letter within each row are not significantly different at 5% level by LSD test.

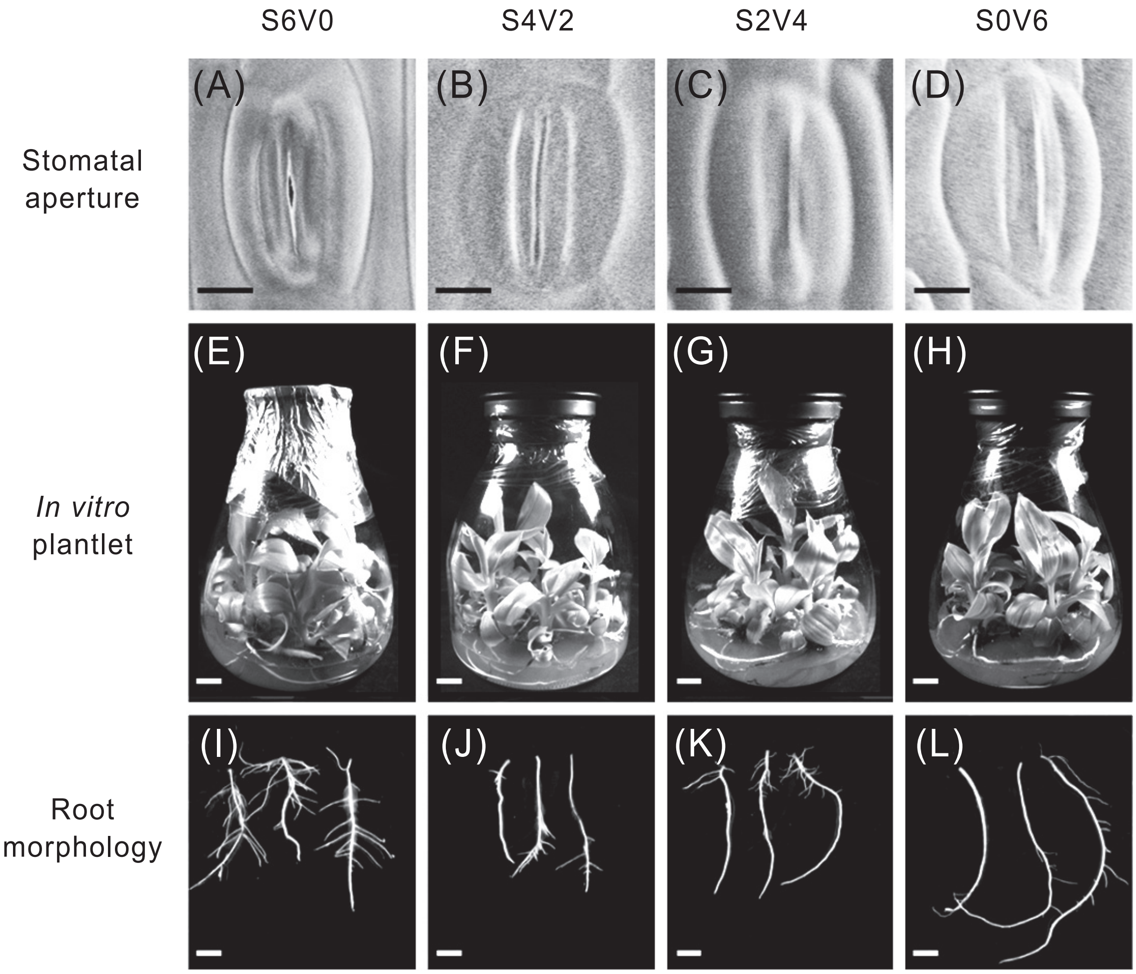

圖 1. 不同透氣試驗處理對新北蕉小植株外表性狀之影響。

Fig. 1. Stomatal and morphological traits on *Musa* spp. 'Formosana' tissue culture under different ventilation closure conditions. S6V0, hermetically sealed for 6 weeks; S4V2, 4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation; S2V4, 2weeks sealed followed by 4 weeks ventilation; and S0V6, ventilation for 6 weeks. (A)–(D) Scanning electron micrographs of stomatal apertures from abaxial surfaces after 6 weeks ventilation closure treatment (Bars = 10 μm). (E)–(H) *In vitro* plantlet morphology after 6 weeks ventilation closure treatment (Bars = 1 cm). (I)–(L) Root morphology after 6 weeks ventilation closure treatment (Bars = 1 cm).

不同透氣處理對新北蕉小植株出瓶馴化之影響

出瓶馴化 45 d 後的新北蕉以 S0V6 處理之小植株最高達 10.8 cm ($P < 0.05$) (表 2)；小植株根部發育部分，以 S4V2 處理之根數目最少，各處理間根長度則無顯著差異 (表 2)；S4V2、S2V4 與 S0V6 三組透氣處理之小苗經過 45 d 馴化後，葉面積為 56.1–58.9 cm^2，顯著較不透氣處理 S6V0 的 45.9 cm^2 大 ($P < 0.05$)，但不同處理間假莖直徑差異不顯著 (表 2)。生長量方面則以 S0V6 處理之小植株鮮重 14.4 g 最重 ($P < 0.05$)，但各處理間乾重變化無顯著差異 (表 2)；比較不同透氣處理的新北蕉小苗出瓶馴化後之壯苗指數，以 S2V4 處理之 106.2 最佳，S0V6 處理之 100.1 次之，處理間差異顯著 ($P < 0.05$) (表 3)。

不同透氣處理對新北蕉氣孔發育之影響

為進一步瞭解不同透氣處理下小植株生長

表 2. 不同透氣處理之新北蕉小植株出瓶馴化 45 d 生長情形。

Table 2. Plant growth parameters in *Musa* spp. 'Formosana' plantlets grew with different ventilation closure treatments[z].

Item	S6V0	S4V2	S2V4	S0V6
Plant height (cm)	9.61 ± 0.10 ab[x]	9.50 ± 0.34 b	10.16 ± 0.73 ab	10.72 ± 0.96 a
Root length (cm)	21.33 ± 4.09 a	21.16 ± 4.73 a	21.78 ± 3.16 a	22.86 ± 2.60 a
No. of roots	14.44 ± 0.51 ab	13.89 ± 0.51 b	15.00 ± 0.33 a	14.22 ± 0.38 ab
Leaf area (cm^2)	45.99 ± 5.48 b	57.45 ± 1.37 a	56.13 ± 7.14 a	58.97 ± 0.69 a
Stem width (cm)	0.86 ± 0.11 a	0.88 ± 0.04 a	0.88 ± 0.02 a	0.90 ± 0.00 a
Fresh weight	12.28 ± 1.33 bc	11.41 ± 0.55 c	13.48 ± 0.50 ab	14.48 ± 0.55 a
Dry weight	0.93 ± 0.21 a	0.98 ± 0.11 a	1.17 ± 0.18 a	1.20 ± 0.09 a
Vigor index[y]	83.23 ± 14.16 c	92.06 ± 10.38 bc	103.16 ± 11.93 a	100.99 ± 9.82 ab

[z] Different ventilation treatments: (1) S6V0: hermetically sealed for 6 weeks, (2) S4V2: 4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation, (3) S2V4: 2weeks sealed followed by 4 weeks ventilation, and (4) S0V6: ventilation for 6 weeks.
[y] Vigor index = (stem width/plant height) × dry weight.
[x] Values are means ± standard deviation (n = 3). Means followed by the same letter within each row are not significantly different at 5% level by LSD test.

表 3. 不同透氣處理對瓶內新北蕉小植株氣孔密度、大小與功能之影響。

Table 3. Influence of different ventilation closure treatments on density, size and function of stomata in *Musa* spp. 'Formosana' plantlets[z].

Item	S6V0	S4V2	S2V4	S0V6	Aa
Stomata density (mm^{-2})	28.29 ± 3.54 c[x]	90.78 ± 8.90 b	141.47 ± 14.15 a	135.58 ± 10.21 a	114.35 ± 2.04 b
Epidermal cells density (mm^{-2})	721.50 ± 66.26 c	848.83 ± 48.63 b	1,092.86 ± 97.25 a	1,029.20 ± 66.26 a	721.50 ± 36.75 c
Stomatal index[y]	3.81 ± 0.70 c	9.65 ± 0.36 b	11.49 ± 1.15 a	11.68 ± 1.33 a	12.21 ± 0.67 a
Stomatal aperture length (μm)	32.61 ± 2.31 d	36.27 ± 0.61 c	39.21 ± 0.23 b	38.41 ± 0.23 b	42.97 ± 0.70 a
Stomatal closure (%)	6.67 c	26.64 b	100.00 a	100.00 a	100.00 a

[z] Different ventilation treatments: (1) S6V0: hermetically sealed for 6 weeks, (2) S4V2: 4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation, (3) S2V4: 2weeks sealed followed by 4 weeks ventilation, (4) S0V6: ventilation for 6 weeks, and (5) Aa: after acclimation.
[y] Stomatal index = 100 × No. of stomata per unit area/(No. of stomata per unit area + No. of epidermal cells per unit area).
[x] Values are means ± standard deviation (n = 3). Means followed by the same letter within each row are not significantly different at 5% level by LSD test.

差異之原因，以掃描式電子顯微鏡觀察處理後小植株葉片 (圖 1A–D)；不同透氣處理影響新北蕉小植株葉背氣孔分布密度，S6V0 處理之新北蕉小苗，葉背單位面積氣孔數目最少，每平方毫米僅 28.3 個氣孔，S0V6 及 S2V4 處理後小植株葉背氣孔數顯著增加，分別為 135.6 與 141.5 個，而完成馴化的新北蕉植株 (Aa) 氣孔密度則降為 114.4 (表 3)。不同透氣處理下單位面積之表皮細胞數目具有顯著差異，其數量變化約略與單位面積氣孔密度一致，以 S0V6 及 S2V4 處理最多 (P < 0.05)。氣孔指數為單位面積下氣孔數目與單位面積總細胞數目之比值，結果顯示 S0V6 與 S2V4 處理之氣孔指數與完成馴化的 Aa 小植株相近，數值介於 11.5–12.2 間，而密封時間較長的 S6V0 與 S4V2 處理，其氣孔指數分別為 3.8 與 9.7，顯著較透氣處理組低 (P < 0.05)。在氣孔型態方面，馴化完成的對照組 Aa 其氣孔直徑最大，為 43 μm，其餘各處理之氣孔直徑約在 32–38 μm 之間，隨著透氣週數增加，氣孔直徑亦有增大趨勢，處理間差異顯著 (P < 0.05)。以 SEM 觀測葉片樣品時，取樣至上機間隔固定 20 min，離體失水的情況會造成樣品氣孔之關閉，結果顯示馴化完成的對照組 Aa 與 S0V6、S2V45 之葉片樣品，其氣孔均能感受環境失水調控氣孔關閉，而 S6V0 與 S4V2 處理之樣品

其氣孔閉合率分別為 6.67% 及 26.64%，顯示氣孔功能在不同透氣處理後具有顯著差異 ($P < 0.05$) (表 3)。

討論

利用降低瓶內濕度、增加光通量、瓶內通氣 (ventilation) 及改變培養基成分等處理，可促進組培苗進行光自營生長，達到瓶內馴化 (*in vitro* hardening) 目的，增加組培苗出瓶成活率。增加組培瓶內透氣可提升玫瑰、康乃馨、木瓜、花椰菜、高氏柴胡以及台灣雙鋸齒葉玄蔘組培苗生長勢，並使瓶苗葉片面積加大 (Sallanon & Maziere 1992; Chen *et al*. 1998; Lai *et al*. 1998; Zobayed *et al*. 1999; Chen *et al*. 2006a; Chen *et al*. 2006b)。本試驗結果顯示，透氣處理對於瓶內小植株根部生長及地上部生長無顯著影響，6 wk 密封處理之 S6V0 因苗株水分含量多鮮重最高，由表 1 與表 2 結果可知，馴化 45 d 之 S2V4、S0V6 透氣處理小植株株高增加較多，顯示透氣處理能減少出瓶後的生長停滯，壯苗指數以 S2V4 處理最佳，則顯示適時的透氣處理可提升小植株對外界適應力。Tanimoto *et al*. (1995) 及 Zhang *et al*. (2003) 之研究顯示，乙烯可調控根毛細胞 (trichoblast cell) 之形成，增加根毛細胞數目、縮短根毛細胞長度，提高單位長度內根毛密度；另有研究則指出，乙烯可誘導 auxin 生合成，兩者協同作用促進根部生長及根毛發育 (Osmont *et al*. 2007; Stepanova & Alonso 2009)。本研究結果顯示，繼代後即進行透氣處理之 S0V6，6 wk 後瓶內小植株根數目最少 (表 1)，而繼代後維持密閉環境至少 2 wk 以上之 S2V4、S4V2 與 S6V0，可能因瓶內累積繼代造成之創傷乙烯，誘導根源體發生產生較多的不定根，結果與上述研究相符。乙烯對不同物種培植體再生之影響差異大，例如乙烯可促進水稻莖的形成 (Cornejo-Martin *et al*. 1979)，提高番茄莖段再生力、提高增殖倍率 (Trujillo-Moya & Gisbert 2012)，但添加 5 mg L^{-1} 硫代硫酸銀 (silver thiosulfate; STS) 於培養基中抑制瓶內乙烯作用，則可提高大岩桐 (*Sinningia speciosa*) 葉片培植體之芽體再生率達 40% (Chae *et al*. 2012)。不同透氣處理之新北蕉小植株增殖倍率於本研究中雖略有變化，但處理間差異不顯著，可能與瓶內氣體組成關聯性較低。

植物組培苗出瓶馴化後，氣孔數目會因環境 CO_2 濃度變化而改變，楓香 (*Liquidambar styraciflua*)、薔薇 (*Rosa odorata* × *Rosa damascena*)、藍莓 (*Vaccinium corymbosum*)、菸草 (*Nicotiana tabacum*) 與朝鮮薊 (*Cynara scolymus*)，小植株出瓶後氣孔數目減少 (Wetzstein & Sommer 1983; Johansson *et al*. 1992; Noé & Bonini 1996; Ticha *et al*. 1999; Brutti *et al*. 2002)，而櫻桃 (*Prunus serotina*) 與杜鵑 (*Rhododendron* spp.) 小植株氣孔數目，則於出瓶馴化後增加 (Waldenmaier & Schmidt 1990; Drew *et al*. 1992)。本研究結果顯示，新北蕉小植株出瓶馴化後氣孔數目增加，氣孔指數亦以完成馴化的 Aa 最高，隨著透氣處理週數增加小植株葉背氣孔指數隨之增加，S0V6 與 S2V4 之氣孔指數皆趨近於 Aa 小植株，S6V0 與 S4V2 處理組氣孔指數則顯著較低 (表 3)。Woodward (1987) 指出植物氣孔數目與環境 CO_2 濃度成反比，Royer (2001) 彙整 176 種 C3 植物已發表之氣孔密度與氣孔指數資料，發現隨著環境 CO_2 濃度提高，大部分植物的氣孔密度與氣孔指數均降低，如銀杏 (Poole *et al*. 1996)、鼠尾草 (Knapp *et al*. 1994)、春小麥 (Yang & Wang 2001) 等植物都有此現象。另有研究指出，鴨跖草葉片在高濃度 CO_2 環境生長時，其葉片氣孔指數無顯著變化 (Boetsch *et al*. 1996)，歐洲赤松的氣孔發生則對 CO_2 不敏感，只有在高溫時氣孔指數才隨 CO_2 增加而遞減 (Luomala *et al*. 2005)，Stace (1966) 更指出氣孔發育時物種遺傳效力大於環境因子作用。花椰菜 (*Brassica oleracea*) 培植體在自然換氣 (diffusive ventilation) 或強制換氣 (forced ventilation) 的培養條件下，其氣孔數目均顯著減少，瓶內 CO_2 濃度量測結果顯示，增加氣體交換率可提高瓶內 CO_2 濃度，降低組培苗氣孔密度 (Zobayed *et al*. 1999, 2001)。本研究之新北蕉小植株經透氣處理後氣孔密度反而增加，推測試驗初期偏向異營 (heterotrophic) 生長，

至後期才轉變為混營 (mixophotoautotrophic) 生長或光自營生長。玫瑰培植體在 3% 蔗糖濃度培養基與 35 μmol m^{-2} s^{-1} 光照下，可維持 3 wk 異營生長，瓶內 CO_2 濃度達 1,000–1,500 mg L^{-1} (Wu & Chu 1999)，馬鈴薯 (*Solanum tuberosum*) 培植體不論在 1、2 及 3% 蔗糖培養基中，氣孔密度均以透氣處理組較完全密封處理組高 (Mohamed & Alsadon 2010)。泡桐 (*Paulownia fortunei*) 組織培養也顯示，3% 蔗糖培養基下培植體行混營生長，其葉片氣孔指數相對較高，不正常發育的氣孔數目亦較多 (Sha Vallikhan *et al*. 2003)。

高相對濕度 (relative humidity; RH) 與低蒸氣壓差 (vapor pressure deficit; VPD) 為密閉組培環境的特性之一，蒸氣壓差為空氣水蒸汽壓力與葉片水蒸氣壓力的差值，在固定的溫度與大氣壓力下，VPD 與 RH 成反比。自然狀態下，植物蒸散作用受到環境溫度、陽光輻射量、風速、二氧化碳濃度以及 VPD 的影響，VPD 可視為植物葉片水分蒸發潛勢的指標。本試驗中 S6V0 與 S4V2 處理之樣品，其氣孔閉合率分別為 6.67% 及 26.64% (表 3)，顯示密閉環境下氣孔喪失原有功能，同樣的情形亦可見於康乃馨 (Ziv *et al*. 1987) 與大飛燕草 (Santamaria *et al*. 1993) 組培苗中。紫露草屬植物 (*Tradescantia virginiana*) 在移入高相對濕度環境中 4 d 後，氣孔對 ABA 與乾旱處理不敏感，無法調節正常關閉 (Rezaei Nejad *et al*. 2006)。紫露草屬植物在低 VPD 環境下，細胞內負責 ABA 分解之 8’-hydrogenase 活性提高，可在短時間內降低保衛細胞與植物細胞間系 ABA 含量 (Rezaei Nejad & van Meeteren 2008)，此外，在低 VPD 環境中，ABA 訊號傳遞之抑制因子 PYR/RCAR 與 PP2C 的結合被抑制，使得 ABA 訊號不能順利傳遞 (Fujii *et al*. 2009)。因此，長時間處於低 VPD 環境時，保衛細胞維持相對較低的 ABA 含量，且保衛細胞對於 ABA 濃度變化不敏感，使得氣孔失去正常功能，無法感應環境變化 (Montillet & Hirt 2013)。組織培養苗因為氣孔功能不健全，無法有效控制葉片蒸散作用合，是造成組培苗出瓶後乾枯失水的主要癥結 (Brainerd & Fuchigami 1982)。綜合本研究結果顯示，增加新北蕉組培瓶內透氣可增加葉片氣孔密度、維持氣孔正常功能，並縮短出瓶馴化生長停滯，增加蕉苗出瓶成活率。

引用文獻

Aitken-Christie, J., T. Kozai, and S. Takayama. 1995. Automation in plant tissue culture: General introduction and overview. p.1–18. *in*: Automation and Environmental Control in Plant Tissue Culture. (Aitken-Christie, J., T. Kozai, and M. A. L. Smith, eds.) Kluwer Acad. Pub. Dordrecht. 574 pp.

Boetsch, J., J. Chin, M. Ling, and J. Croxdale. 1996. Elevated carbon dioxide affects the patterning of subsidiary cells in *Tradescantia* stomatal complexes. J. Exp. Bot. 47:925–931.

Brainerd, K. E. and L. H. Fuchigami. 1982. Stomatal functioning of *in vitro* and greenhouse apple leaves in darkness, mannitol, ABA, and CO_2. J. Exp. Bot. 33:388–392.

Brutti, C. B., E. J. Rubio, B. E. Llorente, and N. M. Apostolo. 2002. Artichoke leaf morphology and surface features in different micropropagation stages. Biol. Plant 45:197–204.

Chae, S. C., H. H. Kim, and S. U. Park. 2012. Ethylene inhibitors enhance shoot organogenesis of Gloxinia (*Sinningia speciosa*). Sci. World J. 2012:1–4.

Chakrabarty, D., S. Y. Park, M. B. Ali, K. S. Shin, and K. Y. Paek. 2005. Hyperhydricity in apple: Ultrastuctural and physiological aspects. Tree Physiol. 26:377–388.

Chen, U. C., C. N. Hsia, D. C. Agrawal, and H. S. Tsay. 2006a. Influence of ventilation closures on plant growth parameters, acclimation and anatomy of leaf surface in *Scrophularia yoshimurae* Yamazaki- A medicinal plant native to Taiwan. Bot. Stud. 47:259–233.

Chen, U. C., C. N. Hsia, M. S. Yeh, D. C. Agrawal, and H. S. Tsay. 2006b. *In vitro* micropropagation and *ex vitro* acclimation of *Bupleurum kaoi*- An endangered medicinal plant native to Taiwan. *In Viro* Cell Dev. Biol. Plant 42:128–133.

Chen, U. C., Y. J. Shiau, C. C. Lai, and H. S. Tsay. 1998. Effects of medium composition and vessel closure on the hyperhydricity and rooting of carnation *in vitro* culture. J. Agric. Res. China 47:364–376. (in Chinese with English abstract)

Cornejo-Martin, M. J., A. M. Mingo-Caste, and E. Primo-Millo. 1979. Organ redifferentiation in rice callus: effects of ethylene, carbon dioxide and cytokinins. Z. Pflanzenphysiol. 94:117–123. (in Spain with English abstract)

Donnelly, D. J., W. E. Vidaver, and K. Y. Lee. 1985. The anatomy of tissue cultured red raspberry prior to and after transfer to soil. Plant Cell Tissue Organ Cult. 4:43–50.

Drew, A. P., K. L. Kavanagh, and C. A. Maynard. 1992. Acclimatizing micropropagated black cherry by comparison with half-sib seedlings. Physiol. Plant 86:459–464.

Fujii, H., V. Chinnusamy, A. Rodrigues, S. Rubio, R. Antoni, S. Y. Park, S. R. Cutler, J. Sheen, P. L. Rodriguez, and J. K. Zhu. 2009. *In vitro* reconstitution of an abscisic acid signaling pathway. Nature 462:660–664.

Johansson, M., E. C. Kronested-Robards, and A. W. Robard. 1992. Rose leaf structure in relation to different stages of micropropagation. Protoplasma 166:165–176.

Knapp, A. K., M. Cocke, E. P. Hamerlynck, and C. E. Owensby. 1994. Effect of elevated CO_2 on stomatal density and distribution in a C_4 grass and a C_3 forb under field conditions. Ann. Bot. 74:595–599.

Lai, C. C., T. A. Yu, S. D. Yeh, and J. S. Yang. 1998. Enhancement of *in vitro* growth of papaya multi-shoots by aeration. Plant Cell Tissue Organ Cult. 53:221–225.

Lee, S. Y., C. Y. Chen, and C. P. Chao. 2013. Germplasm diversity and cultivation management of Taiwan banana. Taiwan Nat. Sci. 32(2):24–33.

Liu, W. Q., C. Z. Sun, and X. J. Chen. 2006. Research of the influence factors and coordinated control strategies in hyperhydricity of *in vitro* cultured banana. Guangdong Agric. Sci. 3:32–33. (in Chinese)

Luomala, E. M., K. Laitinen, S. Sutinen, S. Lellomaki, and E. Vapaavuori. 2005. Stomatal density, anatomy and nutrient concentrations of Scots pine needles are affected by elevated CO_2 and temperature. Plant Cell Environ. 28:733–749.

Majada, J. P., F. Tadeo, M. A. Fal, and R. Sánchez-Tamés. 2000. Impact of culture vessel ventilation on the anatomy and morphology of micropropagated carnation. Plant Cell Tissue Organ Cult. 63:207–214.

Majada, J. P., M. I. Sierra, and R. Sánchez-Tamés. 2001. Air exchange rate affects the *in vitro* developed leaf cuticle of carnation. Sci. Hort. 87:121–130.

Mohamed, M. A. H. and A. A. Alsadon. 2010. Influence of ventilation and sucrose on growth and leaf anatomy of micropropagated potato plantlets. Sci. Hort. 123:295–300.

Montillet, J. L. and H. Hirt. 2013. New checkpoints in stomatal defense. Trends Plant Sci. 18:295–297.

Noé, N. and L. Bonini. 1996. Leaf anatomy of highbush blueberry grown *in vitro* and during acclimatization to *ex vitro* conditions. Biol. Plant 38:19–25.

Osmont, K. S., R. Sibout, and C. S. Hardtke. 2007. Hidden branches: Developments in root system architecture. Ann. Rev. Plant Biol. 58:93–113.

Poole, I., J. D. B. Weyers, T. Lawson, and J. A. Raven. 1996. Variations in stomatal density and index: Implications for palaeoclimatic reconstructions. Plant Cell Environ. 19:705–712.

Rezaei Nejad, A., J. Harbinson, and U. van Meeteren. 2006. Dynamics of spatial heterogeneity of stomatal closure in *Tradescantia virginiana* altered by growth at high relative air humidity. J. Exp. Bot. 57:3669–3678.

Rezaei Nejad, A. and U. van Meeteren. 2008. Dynamics of adaptation of stomatal behavior to moderate or high relative air humidity in *Tradescantia virginiana*. J. Exp. Bot. 59:289–301.

Royer, D. L. 2001. Stomatal density and stomatal index as indicators of paleoatmospheric CO_2 concentration. Rev. Palaeobot. Palynol. 114:1–28.

Sallanon, H. and Y. Maziere. 1992. Influence of growth room and vessel humidity on the *in vitro* development of rose plants. Plant Cell Organ Cult. 30:121–125.

Santamaria, J. M., W. J. Davies, and C. J. Atkinson. 1993. Stomata of micropropagated *Delphinium* plants respond to ABA, CO_2, light and water potential, but fail to close fully. J. Exp. Bot. 44:99–107.

Sha Vallikhan, P. S., T. Kozai, Q. T. Nguyen, C. Kubota, and V. Dhawan. 2003. Growth and water relations of *Paulownia fortune* under photomixotrophic and photoautotrophic conditions. Biol. Plant. 46:131–166.

Stace, C. A. 1966. The use of epidermal characteristics in phylogenetic considerations. New Phytol. 65:304–318.

Stepanova, A. N. and J. M. Alonso. 2009. Ethylene signaling and response: Where different regulatory modules meet. Curr. Opin. Plant Biol. 12:548–555.

Tanimoto, M., K. Roberts, and L. Dolan. 1995. Ethylene is a positive regulator of root hair development in *Arabidopsis thaliana*. Plant J. 8:943–948.

Ticha, I., B. Radochova, and P. Kadlecek. 1999. Stomatal morphology during acclimatization of tobacco plantlets to *ex vitro* conditions. Biol. Plant 42:469–474.

Trujillo-Moya, C. and C. Gisbert. 2012. The influence of ethylene and ethylene dodulators on shoot organogenesis in tomato. Plant Cell Tissue Organ Cult. 111:41–48.

Waldenmaier, S. and G. Schmidt. 1990. Histological difference between *in vitro* and *ex vitro* leaves during hardening off of rhododendron. Gartenbauwissenschaft 55:49–54. (in German with English abstract)

Wetzstein, H. Y. and H. E. Sommer. 1983. Scanning electron microscopy of *in vitro* cultured *Liquidambar styraciflua* plantlets during acclimatization. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 108:475–480.

Woodward, F. I. 1987. Stomatal numbers are sensitive to increases in CO_2 from pre-industrial levels. Nature 327:617–618.

Wu, A. N. and C. Y. Chu. 1999. Effect of photosynthetic photon flux density and sucrose of the photoautotrophy of rose explants *in vitro*. J. Chinese Soc. Hort. Sci. 45:345–352. (in Chinese with English abstract)

Yang, H. M. and G. X. Wang. 2001. Leaf stomatal densities and distribution in *Triticum aestivum* under drought and CO_2 enrichment. Chinese J. Plant Ecol. 25:312–316. (in Chinese with English abstract)

Zhang, Y. J., J. P. Lynch, and K. M. Brown. 2003. Ethylene and phosphorus availability have interacting yet distinct effects on root hair development. J. Exp. Bot. 54:2351–2361.

Ziv, M., A. Schwartz, and D. Fleminger. 1987. Malfunctioning stomata in vitreous leaves of carnation (*Dianthus caryophyllus*) plants propagated *in vitro*; implications for hardening. Plant Sci. 52:127–134.

Zobayed, S. M. A., J. Armstrong, and W. Armstrong. 1999. Cauliflower shoot-culture: Effects of different types of ventilations on growth and physiology. Plant Sci. 141:209–217.

Zobayed, S. M. A., J. Armstrong, and W. Armstrong. 2001. Leaf anatomy of *in vitro* tobacco and cauliflower plantlets as affected by different types of ventilation. Plant Sci. 161:537–548.

Effect of Ventilation on Growth Parameters, Acclimation and Stomatal Development in Micropropagated Banana Plantlets

Han-Wei Chen[1], Min-Tze Wu[2], and Uei-Chern Chen[1,*]

Abstract

Chen, H. W., M. T. Wu, and U. C. Chen. 2015. Effect of ventilation on growth parameters, acclimation and stomatal development in micropropagated banana plantlets. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):243–252.

Micropropagated banana (*Musa* spp. 'Formosa') requires discret management to acclimatize to the external environment. In this study, aluminum foil was replaced by non-woven fabric to improve ventilation efficiency of culture vessel headspace air condition. Different ventilation treatments of culture vessel were investigated, including hermetically sealed for 6 weeks (S6V0), 4 weeks sealed followed by 2 weeks ventilation (S4V2), 2 weeks sealed followed by 4 weeks ventilation (S2V4), and ventilation for 6 weeks (S0V6). No ethylene accumulation was detected in S4V2, S2V4, and S0V6 treatments; however, high ethylene level (203.3 nL L^{-1}) under airtight vessels of S6V0 was noticed and promoted adventitious root formation on banana plantlets. The stomatal index in S2V4 and S0V6 seedlings was significantly higher than plantlets subjected to the airtight condition, and stomatal densities increased with increasing duration of ventilation. Permanently widely-open stomata in detached leaves were noticed in the S6V0 and S4V2 seedling, the stomatal closure rate were 6.67% and 26.64% respectively. Since the survival of tissue cultured banana plantlets may depend largely on the prevention of water loss, factors that enhance the stomatal functionality of *in vitro* seedling are important. Ventilation treatments in this study showed no ethylene accumulation, in which seedling performed normal stomatal response and better vigor index value than airtight cultivation vessels. The results would be useful for industrial production of *in vitro* banana seedlings.

Key words: Ventilation, Banana tissue-culture, Stomatal index.

Received: December 17, 2014; Accepted: March 18, 2015.
* Corresponding author, e-mail: UCChen@tari.gov.tw
1 Assistant Research Fellows, Biotechnology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
2 Research Fellow and Director, Plant Technology Laboratories, Agricultural Technology Research Institute, Hsinchu, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):253–278 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.02

研究報告

野生稻 DNA 分子標幟之開發與應用

林彥蓉[1] 簡祥庭[2] 金漢煊[2] 林鋐穎[2] 顏信沐[3] 卓緯玄[3] 吳東鴻[3] 賴明信[4] 李長沛[3,*]

摘要

林彥蓉、簡祥庭、金漢煊、林鋐穎、顏信沐、卓緯玄、吳東鴻、賴明信、李長沛。2015。野生稻 DNA 分子標幟之開發與應用。台灣農業研究 64(4):253–278。

野生稻具有高度遺傳歧異度，對於極端環境有著較高之耐受性，若將野生稻的基因體以分子輔助育種的策略應用於現代栽培種的水稻育種，可因應詭譎多變的氣候變遷與世界糧食需求激增等挑戰。本研究最終目的為將野生稻 *Oryza officinalis* (IRGC. 100986；CC 基因體) 和 *Oryza australiensis* (IRGC. 100882；EE 基因體) 之重要基因導入於亞洲栽培稻 *Oryza sativa* (AA 基因體) 之秈稻「台中秈 10 號」(‘TCS10’) 和稉稻「台農 67 號」(‘TNG67’)，現階段之目標為開發多型性分子標幟。篩選 249 個亞洲栽培稻 (*O. sativa*) 簡單重複序列 (simple sequence repeat; SSR) 分子標幟，結果在 *O. officinalis* 可擴增的分子標幟總計 100 個，轉移率為 40%，而在 *O. australiensis* 可擴增的分子標幟總計 67 個，轉移率為 27%。在這些可擴增之 SSR 分子標幟中，*O. officinalis* vs. ‘TCS10’ 和 *O. officinalis* vs. ‘TNG67’ 間有 72 個 (72%) 和 71 個 (71%) 多型性分子標幟；在 *O. australiensis* vs. ‘TCS10’ 和 *O. australiensis* vs. ‘TNG67’ 間則有 51 (76%) 和 53 (79%) 個。此外，以生物資訊方法進行栽培種與野生種的基因體序列比較，依據插入/缺失 (indel) DNA 片段，一共設計了 123 個分子標幟，分析結果發現在 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 可擴增的分子標幟分別為 109 (89%) 和 103 (84%) 個，大幅提升可擴增之分子標幟。並發現在 *O. officinalis* vs. ‘TCS10’ 和 *O. officinalis* vs. ‘TNG67’ 間有 79 (72%) 與 82 (75%) 個多型性分子標幟；而在 *O. australiensis* vs. ‘TCS10’ 和 *O. australiensis* vs. ‘TNG67’ 間則有 64 (62%) 和 65 (63%) 個多型性分子標幟。進一步以得到的多型性分子標幟分析 *O. officinalis* × ‘TNG67’ 衍生之 BC_1F_1 和 BC_2F_1 世代，結果發現異型合子比例由 86.7% (BC_1F_1) 下降為 18.1% (BC_2F_1)，而 ‘TNG67’ 同型合子比例則大幅提升，顯示野生稻之染色體片段迅速地自子代染色體中剔除，因此不易建立完整的染色體片段置換系。

關鍵詞：分子標幟、轉移率、水稻、野生稻。

前言

全球暖化影響全世界，隨極端天氣的頻率與強度增加，農作物之生產受到更大的挑戰，其中稻米之生產面臨更多難以預測的逆境，如極端溫度、乾旱與水澇等非生物性逆境及病蟲草害等生物性逆境。然而，目前稻作栽培趨於品種單一化，高產品種為目前育種之主要目標，造成育成品種的遺傳背景窄化和遺傳脆弱性，因此難以因應氣候快速變遷所造成的危害 (Chang 1994; Huang *et al*. 2013)。野生稻因分布的環境各不相同，為適應不同的生長環境，演化出多樣化的基因型，可以賦予水稻在面對逆境時較強耐抗性或提高產量的潛力 (Vaughan *et al*. 2003; Wing *et al*. 2005)，因此野生稻的基因是近年來栽培種育成的最佳基因庫來源。例如，*Oryza officinalis* 有著清晨開花之特性，可以有效避開高溫所產生的

投稿日期：2015 年 1 月 15 日；接受日期：2015 年 3 月 29 日。
[*] 通訊作者：charngpei@tari.gov.tw
[1] 國立台灣大學農藝學系副教授。台灣 台北市。
[2] 國立台灣大學農藝學系研究生。台灣 台北市。
[3] 農委會農業試驗所作物組助理研究員。台灣 台中市。
[4] 農委會農業試驗所作物組副研究員。台灣 台中市。

不稔現象，有助於在高溫之環境下提高其稔實率 (Ishimaru *et al*. 2010)；*Oryza punctata* 則對於鹽害逆境有較佳的耐性 (Farooq *et al*. 1992)。在生物性逆境中，對於病害與蟲害也有較高抗性 (Renganayaki *et al*. 2002; Yoshida & Miyashita 2009)。有學者提出以野生種來擴增現有的栽培種之基因歧異度，並應用於新的栽培品種的育成 (Lin & Hung 1996; McCouch *et al*. 2007)，如在 2002 年期間在越南推廣之高產栽培品種 ‘AS996’ (‘IR64’ × *Oryza rufipogon*) 即導入野生稻 *O. rufipogon* 之基因，以及利用 CC 基因體導入現今之栽培品種 (*Oryza sativa* × *O. officinalis*) ‘MTL98’、‘MTL103’、‘MTL105’、‘MTL110’ 與 ‘MTL114’ 等，具有抗褐飛蝨的能力 (Brar 2005)。在菲律賓以 AA 基因體導入至栽培品種 (‘IR64’ × *O. rufipogon*) 得到 ‘Matatag 9’，其具有抗東格魯病毒 (tungro virus) 之能力 (Brar & Khush 2003)。

現今稻屬 (*Oryza*) 包含有 24 個種，依染色體組的不同共可分成 AA、BB、CC、BBCC、CCDD、EE、FF、GG、HHJJ、HHKK 等 10 種類型。Harlan & de Wet (1971) 和 Khush (1997) 的論點結合基因庫的概念將稻屬分成 3 個群集：第 1 級基因庫為現今的 2 個栽培稻種，分別是亞洲稻 *O. sativa* 和非洲稻 *Oryza glaberrima*，以及其他 6 個野生稻，皆屬於 AA 基因體；第 2 級基因庫為 *O. officinalis* complex，由 BB、CC、BBCC、CCDD、EE 和 FF 等 6 種基因體，總計有 10 個不同種的野生稻；第 3 級基因庫為包含 *Oryza meyeriana* (GG 基因體)、*Oryza ridleyi* (HHJJ 基因體) 和 *Oryza schlechteri* (HHKK 基因體) 等 3 個複合群。其中第 2 級基因庫之野生稻種含有豐富的抗生物與非生物逆境之優良特性，例如 *O. officinalis* 屬於 CC 基因體，具有抗蟲性基因之潛在利用價值 (Huang *et al*. 2001; Renganayaki *et al*. 2002)；另一為 *Oryza australiensis* 屬於 EE 基因體，可作為抗蟲性基因與耐旱性基因的來源 (Abbasi *et al*. 2010)。然而，第二級基因庫之野生稻種雖可與栽培種進行雜交，但雜交成功率與雜種稔實率皆不高，須透過胚拯救培養才可獲得雜種。因此，在利用野生種原作為育種材料時，經常發生雜交不親和、無法產生有效的 F_1 雜交和後續的分離族群、染色體不易發生互換以及連鎖負累 (linkage drag) 等問題。

自傳統育種方式進入分子輔助育種時，首先面對的問題即為如何獲得足量的多型性分子標幟，以聚合酶連鎖反應 (polymerase chain reaction; PCR) 為基礎的 SSR (simple sequence repeat) 分子標幟與 STS (sequence tagged site) 分子標幟、indel (insertion/deletion) 分子標幟等，現今已廣泛應用於作物之遺傳歧異度分析、親緣關係建立、遺傳連鎖圖譜建立、質的性狀與數量性狀基因座圖譜分析。然而，目前水稻之分子標幟皆以 AA 基因體之 *O. sativa* 序列開發，隨野生稻物種親緣差異漸遠、序列差異性增加，造成分子標幟之轉移性下降，不易獲得足量的多型性分子標幟應用於野生稻與栽培稻的雜交族群 (Gao *et al*. 2005)。本試驗的目的期望藉由生物資訊學的輔助，尋找野生稻與現有栽培稻種在 DNA 序列上的差異性，進而開發更多新的分子標幟。建立以野生稻 *O. officinalis* (CC 基因體) 或 *O. australiensis* (EE 基因體) 為貢獻親，以「台農 67 號」或「台中秈 10 號」為輪迴親，產生帶有部分野生稻染色體片段的回交族群。再進一步以該族群作為將野生種原導入栽培種的橋樑，降低直接以野生稻進行雜交時容易發生雜交不親和的問題，所開發之多型性分子標幟將可用於建立 *O. officinalis* × *O. sativa* 和 *O. australiensis* × *O. sativa* 之連鎖圖譜及後續抗逆境數量及質量基因座之圖譜分析。

材料與方法

試驗族群材料

本試驗所使用的回交族群是以台灣育成之粳稻品種「台農 67 號」(*O. sativa* ssp. *japonica* cv. ‘Tainung 67’; ‘TNG67’) 與秈稻品種「台中秈 10 號」(*O. sativa* ssp. *indica* cv. ‘Taichungsen 10’; ‘TCS10’) 為輪迴親；作為貢獻親的 2 個野生稻種皆引種自菲律賓國際稻米研究所 (International Rice Research Institute; IRRI)，一為 *O. officinalis* (IRGC. 100896)：

二倍體 (2n = 24)，屬於 CC 基因體；另一為 *O. australiensis* (IRGC. 100882)：二倍體 (2n = 24)，屬於 EE 基因體。

亞洲栽培稻 (*O. sativa*) 為 AA 基因體，當與 CC、EE 基因體間有著嚴重的雜交不親和存在，「台農 67 號」分別與 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 進行雜交後，所得 F_1 種子胚乳均容易退化，經胚拯救培養後，兩個組合皆順利獲得少許 F_1 世代植株；同樣的，「台中秈 10 號」分別與 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 進行雜交，即使經胚拯救培養後，只有「台中秈 10 號」與 *O. officinalis* 之組合有少許 F_1 世代植株存活，而「台中秈 10 號」與 *O. australiensis* 之雜交組合，於本次雜交無任何植株存活。以上述 3 個雜交組合之 F_1 分別與輪迴親進行回交產生 BC_1F_1 和 BC_2F_1 世代。

多型性分子標幟之基因型分析

本試驗之樣本DNA萃取依 Li *et al*. (1995) 之發表程序修改後而得，剪取約 3 cm 來自 3–6 葉齡植株的之葉片，以組織均質機 (Qiagen，德國) 將樣本均質化後，加入 DNA 萃取液 (100 mM Tris-HCl, pH 8.0; 50 mM EDTA, pH 8.0; 500 mM NaCl; 1.25% SDS)，並以 65℃ 水浴 30 min，加入 270 µL 醋酸鉀，至於冰上 20 min，隨後以 4℃轉速 15,000× *g*，離心 10 min，取出上清液，混和至裝有 700 µL 之異丙醇離心管內，再以以 4℃轉速 15,000× *g*，離心 15 min，去除上清液，加入 70% 酒精清洗，待酒精揮發後，加入 100 µL 的 TE 緩衝液 (10 mM Tris; 1 mM EDTA, pH 8.0)，保存於 4℃。

挑選 249 個 *O. sativa* 分子標幟進行多型性之篩選，包含 213 個 RM 系列與 36 個 CH 系列，其中 RM 系列之分子標幟為 Gramene (http://www.gramene.org/) 公布，採用自「日本晴」定序資料中，所提供之簡單重複性序列 (SSR) 設計分子標幟；CH 系列分子標幟以生物資訊軟體自 IRGSP (http://rgp.dna.affrc.go.jp/IRGSP/) 公布「日本晴」之基因體序列資料，並以 SSR 為核心設計之分子標幟。此外利用「日本晴」和秈稻栽培品種 ‘93-11’ 序列差異設計之 13 個 indel (insertion/deletion) 分子標幟，以及依照特定基因片段所設計的 17 個 STS (sequence tagged site) 分子標幟。然而多型性分子標幟數量仍不足涵蓋整個水稻之基因體，因此利用 OMAP 計畫 (The *Oryza* Map Alignment Project) 所建立之野生稻 *O. officinalis* (CC 基因體) 和 *O. australiensis* (EE 基因體) 之BES (BAC end sequence) 資料庫 (http://www.omap.org/cgi-bin/status/status.cgi)，透過生物資訊軟體開發出 123 個具有多型性之 indel 分子標幟。本研究使用所有的 402 個分子標幟之在染色體、連鎖圖譜位點和 PCR 引子序列等資料整理於附錄，供研究人員使用。

本研究取自公開與自行探勘的 SSR、STS 和 indel 皆為 PCR 為基礎的 DNA 分子標幟，PCR 反應溶液體積為 10 µL，包含 20 ng 樣本 DNA、0.2 µM引子、5 µM Taq DNA polymerase master mix (Ampliqon, Danmark)，利用核酸增殖機 (Biometra，德國) 進行核酸之擴增，其反應程序為 94℃ 1 min，94℃ 1 min、40℃為 30 s、72℃為 30 s，共 15 個循環；再以 94℃為 1 min、55℃為 30 s、72℃為 30 s，共 25 個循環。多型性分子標幟之分析以膠體電泳進行，2.5% SFR (Super Fine Resolution, Amresco®, Solon, Ohio, USA) 膠體含有 2 µL 核酸染劑 Seeing Safe Nucleic Acid (昕穎生物科技，台灣)，後以 FEBE (Faster Easier Better Electrophoresis, Biokeystone Co., USA) 高速電泳槽進行電泳分析。

結果

野生稻多型性分子標幟之開發

以 AA 基因體 *O. sativa* 開發的 249 個 SSR 分子標幟來分析「台中秈 10 號」與「台農 67 號」，結果能成功得到 PCR 產物分別為 227 (91%) 個與 233 (94%) (表 1)。然而從 AA 基因體 *O. sativa* 設計出的 SSR 分子標幟應用於野生稻 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 分別有 100 個和 67 個，轉移率 (可成功擴增之分子標幟占總分子標幟的百分比) 於 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 分別為 40% (100/249) 和 27% (67/249) (表 1、圖 1)。而其中其中 64 個皆可在此兩野生稻使用，總計為 103 (=

表 1. 分子標幟篩選結果之摘錄。

Table 1. The summary of the surveyed markers.

Item	No. of amplified markers	No. of polymorphic markers		
		TCS10	TNG67	*Oryza sativa*[z]
SSR markers from *Oryza sativa*[y]				
Oryza officinalis	100 (40%)	72 (72%)	71 (71%)	54 (54%)
Oryza australiensis	67 (27%)	51 (76%)	53 (79%)	32 (48%)
TCS10	227 (91%)	-	-	-
TNG67	233 (94%)	-	-	-
Indel markers from *O. sativa*[x]				
O. officinalis	9 (30%)	8 (89%)	6 (67%)	3 (33%)
O. australiensis	5 (17%)	4 (80%)	4 (80%)	3 (60%)
TCS10	20 (67%)	-	-	-
TNG67	23 (77%)	-	-	-
Indel markers from wild rice[w]				
O. officinalis	109 (89%)	79 (72%)	82 (75%)	74 (68%)
O. australiensis	103 (84%)	64 (62%)	65 (63%)	61 (59%)
TCS10	121 (98%)	-	-	-
TNG67	118 (96%)	-	-	-

[z] The number and percentage of markers displayed polymorphism between wild species and both of ‘TCS10’ and ‘TNG67’.
[y] A total of 249 SSR markers included markers affixed with RM and CH.
[x] A total of 30 markers included STS and SLS markers.
[w] A total of 123 indel markers that were designed between sequence of wild species and cultivars.

100 + 67 – 64) 個 AA 基因體分子標幟可轉移至 CC 或 EE 基因體使用，總轉移率為 41% (103/249)。

能於 *O. officinalis* (CC 基因體) 成功擴增出條帶的 100 個分子標幟 (91 個 RM 和 9 個 CH 系列)，分別有 72 與 71 個在 *O. officinalis* 與「台中秈 10 號」和「台農 67 號」之間呈多型性，占可擴增之分子標幟數的 72% (72/100) 和 71% (71/100)，其中 54 個 SSR 同時在 *O. officinalis* 和兩栽培品種間具有多型性 (表 1)。另外，在 EE 基因體的 *O. australiensis* 中能成功 PCR 擴增反應之分子標幟總共為 67 個 (63 個 RM 與 4 個 CH 系列)，於 *O. australiensis* 與「台中秈 10 號」以及 *O. australiensis* 與「台農 67 號」間有 51 和 53 個多型性之分子標幟，占可擴增之分子標幟數的 76% (51/67) 和 79% (53/67)，其中共 32 個分子標幟可同時在 *O. australiensis* 與兩栽培品種間呈現多型性 (表 1)。

在 30 個栽培種水稻之 indel 和 STS 分子標幟中，*O. officinalis* 可成功擴增之分子標幟有 9 個，占總數之 30% (9/30)，可與「台中秈 10 號」或「台農 67 號」間呈多型性分子標幟數量與可擴增之分子標幟比例分別 89% (8/9) 與 67% (6/9)，其中 3 個分子標幟在 3 個稻種之間呈現多型性之分子標幟，占可擴增之分子標幟之 33% (3/9)。5 個分子標幟在 *O. australiensis* 可進行 PCR 擴增反應，占此類型之分子標幟的 17% (5/30)，與「台中秈 10 號」和「台農 67 號」間呈多型性之分子標幟均各有 4 個，占可擴增之分子標幟的 80% (4/5)，其中有 3 個分子標幟在此 3 稻種間具有多型性。然而，此兩種方式所獲得的多型性分子標幟，均無法同時在所使用的 4 個不同的稻種間找出具有多型性之分子標幟。

利用 OMAP 的野生稻之 BES 資料庫，以「日本晴」基因體為參考序列，其中「日本晴」分別 *O. officinalis* 與 *O. australiensis* 之間 indel 的設計出 75 和 48 個分子標幟，總計 123 組分子標幟 (表 1)。本次設計之 123 個分

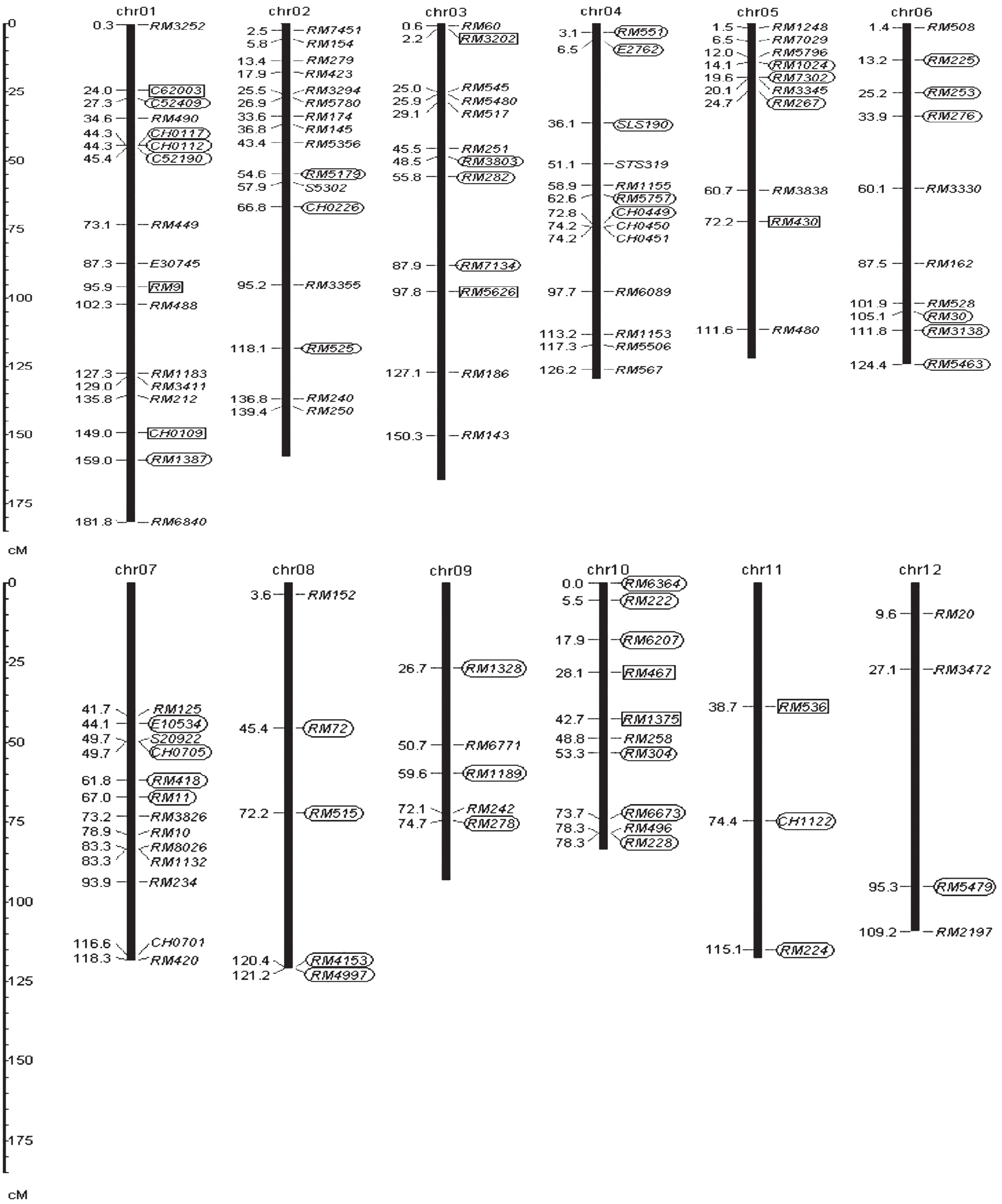

圖 1. 118 個可轉移至 *Oryza officinalis* 或 *Oryza australiensis* 之 *Oryza sativa* 分子標幟與其在 *O. sativa* 染色體之分布。 表示該分子標幟只能於 *O. officinalis* 進行擴增反應； 表示該分子標幟只能於 *O. australiensis* 進行擴增反應；未標識者表示該分子標幟能同時於 2 個野生稻中進行擴增反應。

Fig. 1. The distribution of 118 DNA markers obtained from *Oryza sativa* which can be transferred onto *Oryza officinalis* and *Oryza australiensis* on rice chromosomes. Symbols and indicate markers can only be amplified from *O. officinalis* and *O. australiensis*, respectively, and unlabeled markers can be amplified from both *O. officinalis* and *O. australiensis*.

子標幟總共 109 個分子標幟在 *O. officinalis* 可成功進行 PCR 擴增反應，占所設計之總數的 89% (109/123)，在 *O. officinalis* 與「台中秈 10 號」或「台農 67 號」間呈現多型性的分子標幟數量分別有 79 (79/109 = 72%) 與 82 個 (82/109 = 75%)，在 3 者之間均可產生多型性之分子標幟總共有 74 個分子標幟。在 O. australiensis 得以進行 PCR 擴增反應之分子標幟總共為 103 個，占本方法設計之分子標幟的 84% (103/123)，其中 64 和 65 個分子標幟分別在 *O. australiensis* 和「台中秈 10 號」與 *O. australiensis* 和「台農 67 號」具有多型性，分別占 62% (64/103) 和 63% (65/103)；在此 3 稻種間保有多型性之分子標幟，總共為 61 個 (表 1)。

75 個以 *O. officinalis* 序列設計的分子標幟中，70 個可在 *O. officinalis* 中進行擴增反應，成功率為 93% (70/75)，而有 58 個可在 *O. australiensis* 成功擴增，轉移率為 77% (表 2)，高於選自 *O. sativa* 的 SSR 與 indel 分子標幟之可轉移至 *O. australiensis* 的 27% 與 17% (表 1)。同樣的結果也出現在以 *O. australiensis* 序列設計的 48 個分子標幟中，其中 45 個如預期可在 *O. australiensis* 成功進行 PCR 擴增反應外，有 40 個可在 *O. officinalis* 進行擴增反應，轉移率為 83% (40/48) (表 2)，轉移率同樣高於選自 *O. sativa* 的 SSR 與 indel 分子標幟可轉移至 *O. officinalis* 的 40% 與 30% (表 1)。

野生稻與栽培稻種間多型性分子標幟於水稻染色體之分布

利用 *O. sativa* 序列設計之 SSR 與 indel 分子標幟除受限於種間的轉移率，總計只有 118 個分子標幟呈現多型性，而這些多型性分子標幟並沒有平均分布於染色體中，而是集中於特定區域，因此無法以每隔 20 cM 含有一個分子標幟之密度涵蓋整個染色體 (圖 1)。經由上述設計之分子標幟，有 203 個分子標幟可應用於 *O. officinalis* 和「台中秈 10 號」與「台農 67 號」之間，涵蓋 1,526.6 cM，除少數區間外，大部分均已達到每 20 cM 含有一個分子標幟之密度 (圖 2)。由於 *O. australiensis* 與一般栽培品種間具有多型性分子標幟之數量為 162 個，涵蓋 1,450.2 cM，其結果仍有多數區間未達到每 20 cM 之覆蓋度 (圖 3)。

衍生自 *O. officinalis* 與「台農 67 號」兩回交世代之染色體結構

203 個於 *O. officinalis* 與「台農 67 號」之間具有多型性之分子標幟，平均分布於 12 條染色體之中，進一步挑選分布於 6 條染色體中的 55 個分子標幟，針對 19 株此兩親本之 BC_1F_1 世代進行基因型分析，其涵蓋 853.4 cM。在 BC_1F_1 世代中，其染色體片段為異型結合子占 86.7%；來自輪迴親「台農 67 號」之同型結合子之染色體片段占 13.3%，並未發現貢獻親 *O. officinalis* 同型結合子之染色體片段。在編號 18 號的單株，其染色體片段為異型結合子之比例較此族群中最高，占 88.8%，「台農 67 號」同型結合子之染色體片段比例為 11.2%；編號 1 號所含的異型結合子比例最低為 85%，與「台農 67 號」同型結合之染色體片段占 15% (圖 4)。以 27 個分子標幟用於 31 株 BC_2F_1 世代進行基因型分析，所選用之分子標幟共涵蓋 648.1 cM。其中編號 15-1 號單株其異型結合子比率最高占 38.9%，「台農 67 號」同行結合子之染色體片段為占 61.1%；編號 6-2 號單株衍生於 BC_1F_1 世代中編號 22 號之個體，

表 2. 依 CC 或 EE 基因體野生稻種序列設計的 indel 分子標幟篩選結果之摘錄。

Table2. The survey summary of the indel markers designed according to the BES sequences of CC or EE genomes of wild rices.

		No. of amplified markers			
Species	No. of designed markers	*O. australiensis*	*O. officinalis*	TCS10	TNG67
Oryza officinalis (CC)	75	58 (58%)	70 (93%)	73 (97%)	72 (96%)
Oryza australiensis (EE)	48	45 (94%)	40 (83%)	48 (100%)	48 (100%)

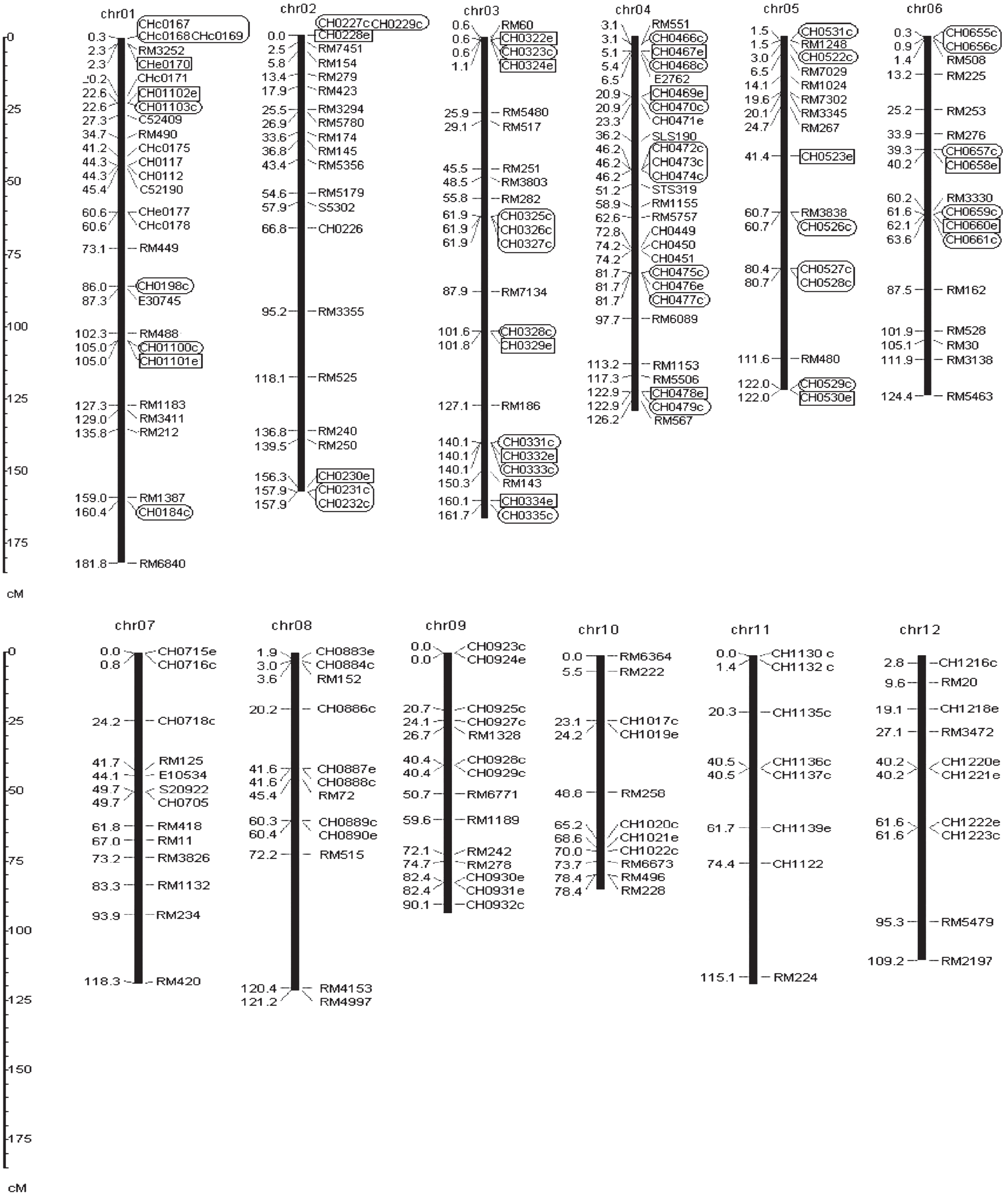

圖 2. 203 個可於 *Oryza officinalis* 與 *Oryza sativa* 間呈現多型性之分子標幟於染色體上之分布。約以每 20 cM 1 個分子標幟的密度分布於 12 條染色體上。 表示以 *O. officinalis* 序列設計的分子標幟； 表示以 *Oryza australiensis* 序列所設計的分子標幟。

Fig. 2. The distribution of the 203 polymorphic markers between *Oryza officinalis* and *Oryza sativa*, at the density of approximately 20 cM. Symbols and indicate the markers designed based on BES of *O. officinalis* and *Oryza australiensis*, respectively.

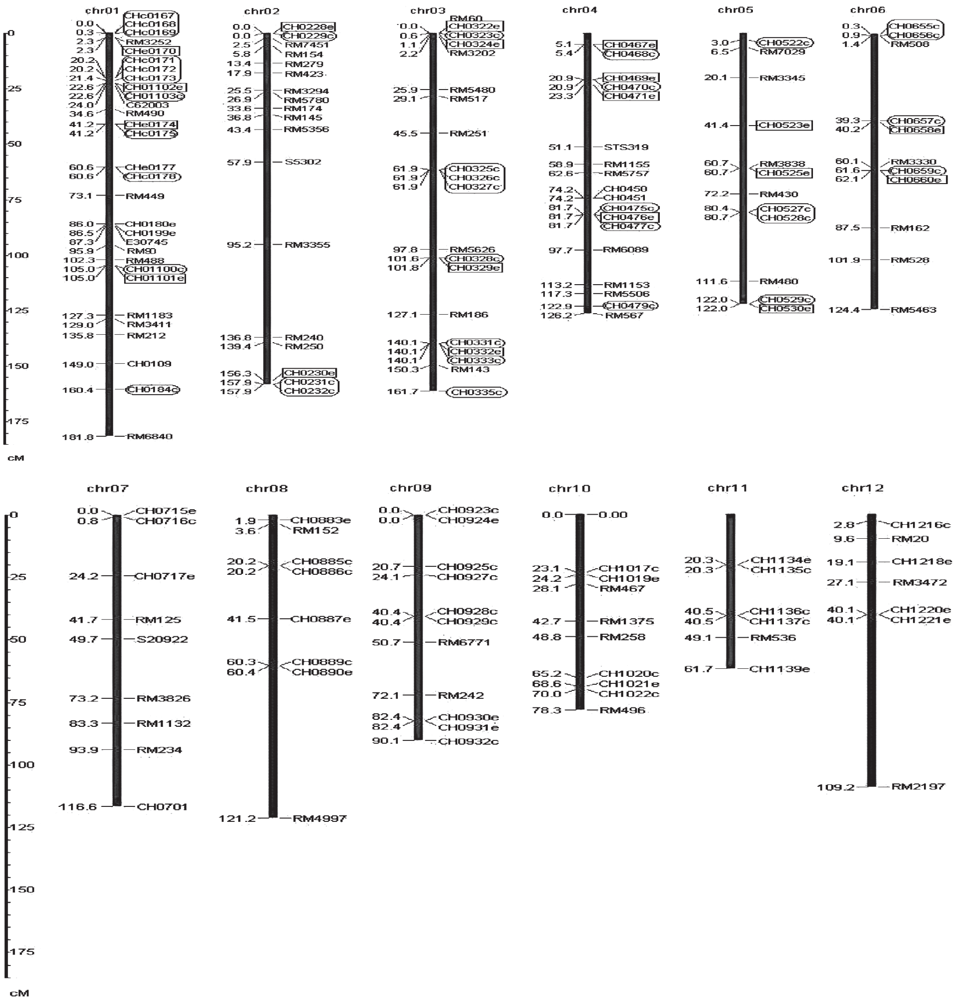

圖 3. 162 個可於 *Oryza australiensis* 與 *Oryza sativa* 間呈現多型性之分子標幟於 *O. sativa* 染色體之分布。雖每條染色體皆有數個分子標幟，但並非平均分布於各條染色體中。（橢圓框）表示以 *Oryza officinalis* 序列設計的分子標幟；（方框）表示以 *O. australiensis* 序列所設計的分子標幟。

Fig. 3. The distribution of the polymorphic markers between *Oryza australiensis* and *Oryza sativa*. Though there are several polymorphic markers on each chromosome, they are not evenly distributed on the chromosomes. Symbols (rounded box) and (box) indicate the markers designed based on BES of *Oryza officinalis* and *O. australiensis*, respectively.

在 24 個分子標幟所涵蓋之範圍，並未發現異型結合子之染色體片段，所有染色體片段皆為「台農 67 號」之同型結合子。

比較兩回交世代其異型結合子之比例，發現異型結合子比率為 86.1% 下降為 18.1%，但是來自輪迴親「台農 67 號」同型結合子之比率由 13.9% 提高為 82.9% (圖 5)。分析結果顯示，野生稻染色體片段在經過 2 次回交栽培稻後，在 BC_2F_1 世代野生稻染色體快速的被剔除，其中已編號 6-2 號單株為例，雖然經過 1 次回交，但在分子標幟所涵蓋之範圍中，已無發現 *O. officinalis* 之染色體片段的異型結合子存在。

討論

分子標幟於種間之轉移性

SSR 分子標幟是利用存在於特定物種中的重複性序列所設計，因此對於有著充足背景資

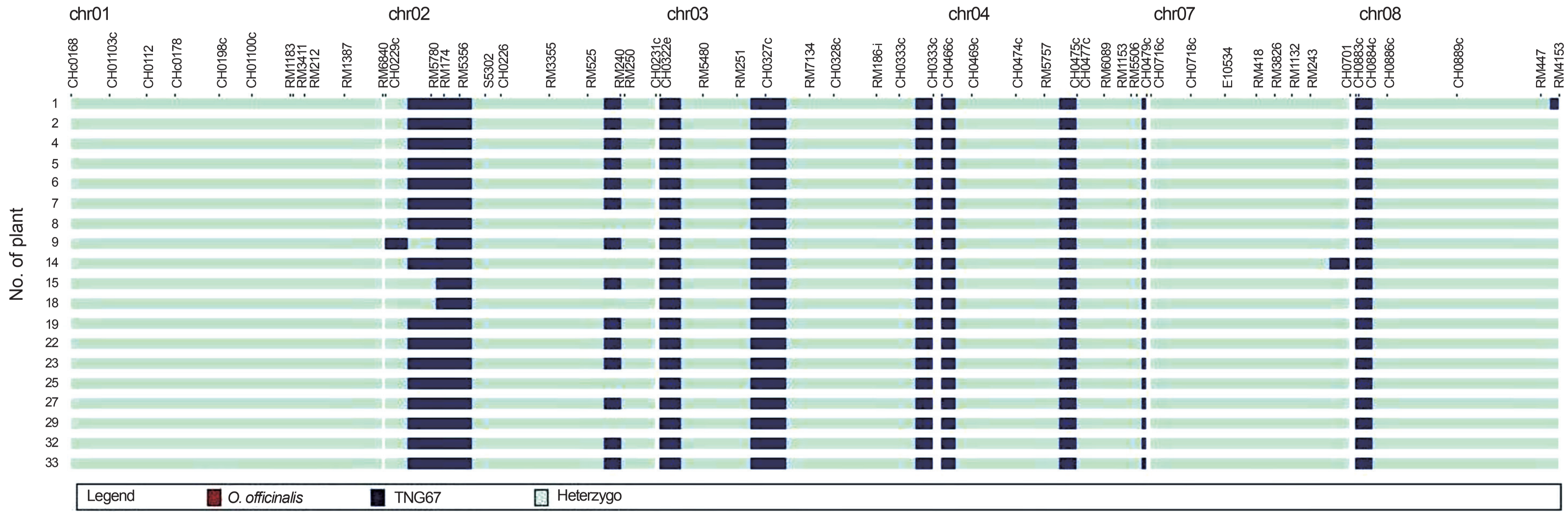

圖 4. *Oryza officinalis* ×「台農 67 號」之 19 株 BC_1F_1 之 55 個分子標幟基因型分析。紅色代表貢獻親 *O. officinalis*、深藍色代表輪迴親「台農 67 號」、淡藍色代表異型合子。

Fig. 4. The genotypes of 19 BC_1F_1 individuals derived from *Oryza officinalis* × 'TNG67' based on 55 polymorphic markers. Red, dark blue and light green regions indicate homozygote to *O. officinalis*, homozygotes to 'TNG67', and heterozygotes, respectively.

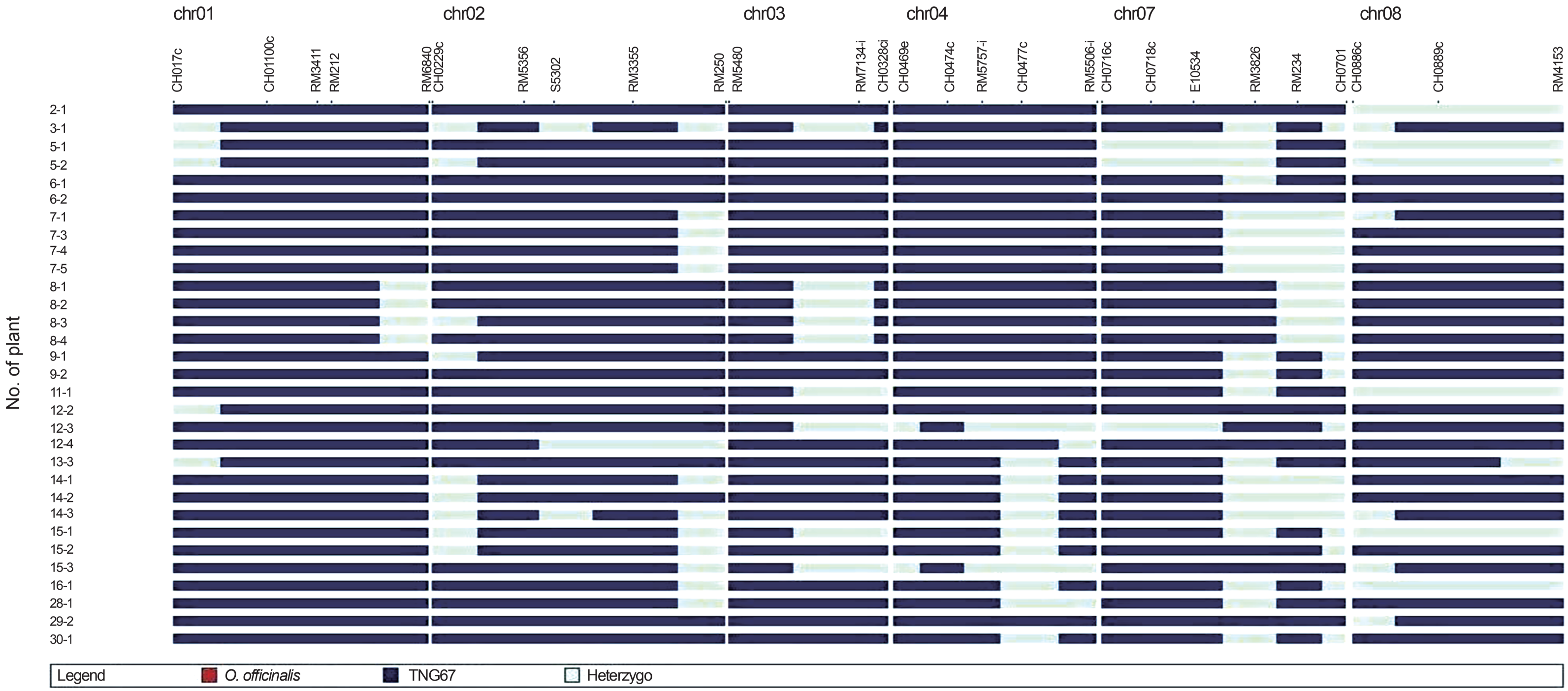

圖 5. 31 株分別衍生自不同 BC_1F_1 單株之 BC_2F_1 (*Oryza officinalis* ×「台農 67 號」//「台農 67 號」) 植株之 27 個分子標幟基因型分析。*O. officinalis* 的染色體片段迅速自子帶染色體中剔除 (淡藍色所示)，輪迴親「台農 67 號」的同型合子比例則由大幅提升 (深藍色所示)，未發現貢獻親 *O. officinalis* 之同型合子存在 (紅色所示)。

Fig. 5. Genotypes of 31 BC_2F_1 individuals derived from different BC_1F_1 individuals of *Oryza officinalis* × 'TNG67' // 'TNG67' based 27 markers. The chromosome segments of *O. officinalis* were eliminated rapidly in the offspring genomes as seen the heterozygous segment labeled with light blue. The chromosome segments homozygous to recurrent parent, 'TNG67', were increased, labeled in dark blue. None chromosome segment homozygous to the donor parent, *O. officinalis*, was uncovered.

料的物種，如人類、水稻和阿拉伯芥，容易開發新的 SSR 分子標幟。然而鮮少人研究之孤兒作物 (orphan crop)，欲進行開發 SSR 分子標幟則相當困難。前人研究發現不同物種之間的 SSR 分子標幟可應用於其他作物，例如十字花科蕓薹屬的蔬菜作物之 SSR 分子標幟具有相當程度種間轉移性 (Shuang *et al*. 2012)；水稻、阿拉伯芥和栽培種大豆等作物之 SSR 分子標幟可成功運用於竹子 (Chen *et al*. 2010)、阿拉伯芥的近源者 (Clauss *et al*. 2002) 以及栽培種大豆應用於其他豆科植物 (Peakall *et al*. 1998)。稻屬的 24 個種中，除了亞洲栽培水稻 *O. sativa* 及非洲栽培稻 *O. glaberrima* 有基因體序列資料，本研究之野生稻 CC 基因體 *O. officinalis* 和 EE 基因體的 *O. australiensis* 並無公開可供使用之 SSR 分子標幟。因此，著手由已公開「日本晴」的 SSR 和 STS 分子標幟資料庫和自行設計的 AA 基因體之 indel 分子標幟探討在不同基因體之轉移率，並依 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 之 BES 資料庫與「日本晴」之基因體序列，設計出具有轉移或基因體專一之分子標幟。

本研究中挑選 249 個由秈稉稻為模版設計的 RM 和 CH 系列之分子標幟，應用於 *O. officinalis* 和 *O. australiensis*，可成功經由 PCR 擴增之分子標幟分別為 100 個 (40%) 與 67 個 (27%)，然而在「台中秈 10 號」與「台農 67 號」之間，可成功利用 PCR 擴增之分子標幟比例高達 91% 及 94%；而在 30 個亞洲栽培稻之 indel 與 STS 分子標幟，*O. officinalis* 與 *O. australiensis* 分別只有 9 個 (30%) 與 5 個 (17%)，可經由 PCR 擴增其片段。因此利用秈稻與稉稻所設計出的 SSR、indel 和 STS 分子標幟，並不容易應用於野生稻之間，顯示 SSR 分子標幟在不同基因組之間轉移率偏低，而 indel 和 STS 分子標幟之轉移率又更低 (表 1)。選取 8 個野生稻涵蓋 5 種不同基因體之 BES 序列資料，與 The International Rice Genome Sequencing Project (IRGSP) 所公布之 *O. sativa* 第 1 條染色體序列進行比對的結果顯示，每百萬個鹼基對中所含有之 SSR 在 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 分別為 16 與 13 個，低於秈稻的 47.2 個和稉稻的 55.8 個。研究中也指出，*O. australiensis* 的染色體中存在著大量的重複性序列，其基因體大小為 1.96 pg (pictogram) 是所有二倍體稻種中之冠，CC 基因體 *O. officinalis* 其染色體為 1.1 pg，亞洲栽培稻秈稉則分別是 0.93 與 0.91 pg。顯示不同稻種之間其染色體中重複性序列數量上的差異，導致染色體大小上有顯著的不同，同時也造成基因體歧異度產生明顯的差異 (Kim *et al*. 2008)。野生稻特有的逆轉位子基因、轉位子基因和染色體中重複性序列的出現，造成由 *O. sativa* 設計的分子標幟對於野生稻呈現低轉移率。

染色體序列中鹼基對的突變，使得依原先物種序列所設計之引子對無法順利在其他相近物種間成功進行 PCR 擴增反應 (Gao *et al*. 2005; Kim *et al*. 2008; Li *et al*. 2008)，因此可能造成依據 *O. sativa* 所設計之分子標幟應用於野生稻染色體其轉移率偏低的原因。當 *O. sativa* 和野生稻雜交的後代是異型結合子時，常因為野生稻序列與引子序列的差異，較不容易擴增，造成誤判為同型結合子 (Li *et al*. 2008)。基於此原因，我們先以較低的煉合溫度 (40℃) 進行 15 個循環擴增 DNA，爾後提高專一性，以煉合溫度 55℃進行另 25 個循環擴增 DNA，以確保野生稻的對偶基因可以順利擴增。另外，分子標幟的轉移率會隨物種不同和親緣之遠近而有不同之結果 (Kuleung *et al*. 2004)，經由核型分析與分子生物學分析所繪製的親緣關係圖，顯示 AA 基因體 *O. sativa* 與 CC 基因體 *O. officinalis* 較為相近，與 *O. australiensis* 較遠 (Ge *et al*. 1999)。從本研究中可得知，經由亞洲栽培水稻序列所設計之 SSR 和 indel 分子標幟應用於 *O. officinalis* 之轉移率，皆高於 *O. australiensis* 之轉移率。顯示 *O. officinalis* 之染色體結構較 *O. australiensis* 更接近 *O. sativa*，因此可成功運用於 *O. officinalis* 的分子標幟比 *O. australiensis* 多出 37 個 (表 1)。

利用亞洲栽培稻秈稉之間設計之分子標幟其應用於野生稻之轉移率偏低，因此以 OMAP 資料庫所公布 *O. officinalis* 和 *O. australiensis*

之 BES 序列資料與 Gramene 資料庫亞洲栽培稻「日本晴」進行序列比對，尋找插入或刪除之變異區域設計分子標幟。本試驗中總共設計 123 個分子標幟，其中經由比對 *O. sativa* 與 *O. officinalis* 之 BES 所設計之分子標幟，高達 77% 可轉移到 *O. australiensis* 可成功地擴增 PCR 反應；*O. sativa* 與 *O. australiensis* 所設計的分子標幟中，83% 的分子標幟可轉移到 *O. officinalis* 擴增反應 (表 2)，顯示二野生稻於序列尚有相似區存在，並且與以分析野生稻、栽培稻種染色體結構後所獲得的結果一致 (Ammiraju *et al*. 2008; Lu *et al*. 2009)。本次研究利用野生稻與栽培稻序列設計的分子標幟，其種間之轉移率介於 77–100% 之間，明顯優於以亞洲栽培水稻序列設計的分子標幟 (表 1、表 2)，顯示以亞洲栽培水稻序列所開發之分子標幟，在應用於野生稻中，容易受到各項因素所干擾，降低此一類型的分子標幟於跨種間、跨基因體間的應用。

分子標幟於種間之多型性

100 個 *O. sativa* 可於 *O. officinalis* 擴增出之 SSR 分子標幟中，分別有 72 個 (72%) 和 71 個 (71%) 分子標幟與「台中秈 10 號」和「台農 67 號」呈現多型性，其中有 54 個 (54%) 之分子標幟可同時區分此 3 個不同的稻種；67 個可轉移至 *O. australiensis* 之 SSR 分子標幟中，與「台中秈 10 號 」和「台農 67 號」具有多型性之分子標幟，分別有 51 個 (76%) 與 53 個 (79%)，能同時在 3 個稻種之間呈多型性之分子標幟總只有 32 個 (48%) (表 1)；56 個可同時在二野生種進行擴增的分子標幟中，有 33 個 (59%) SSR 分子標幟可同時在 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 間呈現多型性 (圖 1)。198 個可同時成功在「台中秈 10 號」與「台農 67 號」擴增反應的 SSR 分子標幟中，130 個 (66%) 分子標幟可在二不同亞種之栽培稻種稻間呈現多型性 (資料未呈現)，顯示 SSR 分子標幟能在 *O. sativa* vs. *O. officinalis* 或 *O. sativa* vs. *O. australiensis* 間呈現多型性之比例並不低於可在 *O. sativa* 二亞種間呈現多型性者。於 STS 與 SLS 分子標幟中，雖種間呈現多型性的比例介於 67% (*O. officinalis* vs.「台農 67 號」)–89% (*O. officinalis* vs.「台中秈 10 號」)，但與 SSR 分子標幟同樣受限於種間染色體結構差異，僅 9 個與 5 個分子標幟能轉移至 *O. officinalis* 或 *O. australiensis* 中進行 PCR 擴增反應 (表 1)。由於所使用的分子標幟數不多，本次篩得的多型性並未能代表 STS 和 SLS 在種間轉移性與多型性之高低，須再進行更多的篩選方能進行 STS 和 SLS 在 *O. officinalis* 和 *O. australiensis* 二野生種間轉移與多型性之評估。

在 *O. officinalis* vs.「台中秈 10 號」和 *O. officinalis* vs.「台農 67 號」呈現多型性的數量和比例分別為 79 個 (72%) 和 82 個 (75%)；在 *O. australiensis* vs.「台中秈 10 號」或 *O. australiensis* vs.「台農 67 號」間呈現多型性分子標幟數量分別為 64 個 (62%) 與 65 個 (63%)；是以自行設計之 indel 分子標幟與 SSR 分子標幟之多型性分子標幟比例相當。本次試驗所開發之 indel 分子標幟之轉移率大幅提升 (表 1、表 2)，此差異可歸咎於設計 PCR 引子對之策略上的不同，前述的 SSR、STS 和 SLS 分子標幟在設計上皆以 *O. sativa* 的序列為基礎，當這些分子標幟應用到野生稻時，種間的序列差異性，尤以在引子序列上的歧異，影響了分子標幟的轉移性，原先可進行擴增的分子標幟無法用在野生稻中。本次試驗所開發的 indel 分子標幟，則是以目標區間兩翼之野生種與栽培種的保守區序列中具有專一性的區域，設計引子對，可更有效率地探勘野生種與栽培種間之多型性分子標幟，以利連鎖圖譜的建立、數量基因座之定位與後續分子標幟輔助選種之進行，加速野生稻遺傳資源於水稻育種時的利用效率。

本研究總計探勘 203 個和 162 個多型性分子標幟於 *O. officinalis* vs. *O. sativa* 和 *O. australiensis* vs. *O. sativa*，大部染色體區間已達到每 20 cM 含有 1 個分子標幟之密度，這些分子標幟可馬上應用於此二野生稻與亞洲栽培稻建立之雜交族群，以利於後續連鎖圖譜建立、基因座圖譜分析。除此之外，「台中秈 10 號」與「台農 67 號」之間多型性分子標幟亦利於秈稉雜交之遺傳圖譜分析，是以，總計 402 個多型性分子標幟之於染色體連鎖圖譜的位置和引

子序列整理在附錄，供研究人員使用，加速野生稻遺傳資源之利用。本研究提供之多型性分子標幟可做為起始的連鎖圖譜分析，因連鎖圖譜距離會隨著不同的雜交組合、分析子代數目等因素而有所不同，尤以不同種間、不同基因體物種的雜交，更因為染色體結構差異性大，影響同源染色體互換甚鉅，針對不同的雜交組合勢必依其需要增加多型性分子標幟，方能達到其試驗目的。

野生稻染色體於回交世代之置換情形

以 *O. officinalis* 為貢獻親和「台農 67 號」為輪迴親，經由胚拯救獲得 19 株 BC_1F_1 植株，以 55 個分子標幟進行基因型分析，在涵蓋 583.4 cM 的染色體範圍中，異型合子占整體的 86.7%，而輪迴親「台農 67 號」占了 13.3%。利用 27 個分子標幟涵蓋 648.1 cM，分析 31 株 BC_2F_1 世代。輪迴親「台農 67 號」基因型比例由原先的 13.3% 大幅增加為 82.9%，而異型合子自 BC_1F_1 世代的 86.7% 迅速下降至 17.1% (圖 4、圖 5)。顯示外源野生稻染色體片段快速的自回交子代細胞核中剔除，這現象也出現在融合來自二不同物種體細胞之細胞培養中 (Nowak-Imialek *et al*. 2010)。外源染色體遭剔除的現象，可能起因於 2 個物種染色體不易發生重組所致 (Jena & Khush 1990)，染色體進行重組的機率隨著序列歧異度的提高而下降 (Chambers *et al*. 1996)，*O. officinalis* 和 *O. australiensis* 與 *O. sativa* 相較下有更多的重複性序列插入其中 (Uozu *et al*. 2000)。DNA 的轉置或轉位、序列的插入或缺失 (Ammiraju *et al*. 2008; Kim *et al*. 2008)，皆可能使得不同稻種間同源區的序列出現變異、位置改變等因素導致染色體的不穩定，這個現象可由本研究的 *O. officinalis* ×「台農 67 號」之 BC_1F_1 和 BC_2F_1 植株經由分子標幟偵測染色體的組成可見，許多分子標幟在 BC_1F_1 已呈現「台農 67 號」的同型結合子，但在 BC_2F_1 竟然呈現異型結合子；例如，於第 2 條染色體的 CH0229 發現在編號 9 (BC_1F_1) 和 9-1 (BC_2F_1) 植株；於第 3 條染色體的 CH0372c 發現在編號 15 (BC_1F_1) 和 15-1 和 15-3 (BC_2F_1)；於第 7 條染色體的 CH0701 發現在編號 14 (BC_1F_1) 和 14-1、14-2、14-3 (BC_2F_1) 植株；於第 8 條染色體的 CH0886c 發現在編號 15 (BC_1F_1) 和 15-3 (BC_2F_1) 植株 (圖 4、圖 5)。本研究結果與以 SSR 分析以 *O. officinalis* × *O. sativa* 建立之雜交後代和 MAALs (monosomic alien addition line) 的基因型分析結果雷同，其中 *O. sativa* 的 124 SSR 基因座應用於 *O. officinalis* 的 C 基因體的圖譜分析時，發現高達 16.1% 有轉位或複製產生兩個基因座的情形，應用在 12 MAALs 的基因型分析時，每個 MAAL 除了可偵測其額外染色體 (additional chromosome) 的分子標幟外，亦可偵測位於其他條染色體上的 SSR 分子標幟，尤以 M1 和 M10 的兩個 MAALs 偵測到其他 5 條染色體上的分子標幟 (Li *et al*. 2008)，也因染色體的再重組 (rearrangement) 造成染色體變異，導致減數分裂時野生稻與栽培稻之染色體無法順利進行重組互換，使得來自野生稻之染色體片段自回交後代之染色體中剔除 (Jin *et al*. 2006; Li *et al*. 2008)，尤以 BC_2F_1 甚鉅 (圖 4、圖 5)。因此，欲建立完整以 *O. sativa* 為背景帶有來自非 AA 基因體野生稻的染色體片段置換系 (chromosome segment substitution lines; CSSLs)，如無大量資源的投入實為不可能 (Ali *et al*. 2010)。本研究也發現，由於栽培稻與不同基因體的野生稻種間雜交繁殖障礙非常高，在 F_1 回交栽培稻時僅能獲得少數的回交種子，且經由胚拯救培養過程也可能導致生育障礙，根據以往的種間雜種 F_1 回交成功獲得 BC_1F_1 植株，植株亦有生長弱勢的問題，材料維持並不容易。因此，以不同的家系進行這部分的研究，雖然不是來自相同的家系，但是，整個野生稻染色體被快速剔除的趨勢是一樣的，提供重要訊息 (圖 4、圖 5)。建立經多次回交建立僅帶有部分外源染色體片段的進階回交族群 (advanced backcross population; AB) 是相對可行的策略，AB 族群的建立可應用於野生種遺傳資源的探勘，如獲得有利於現今作物改良所需的基因或優良性狀時，在研究上可進一步育成近同源系 (near isogenic lines; NILs) 應用於基因的效應評估與該基因是如何參與與植物生長與發育。在育種上的應用，因 AB 族群除

小部分外源染色體片段外，其餘組成皆為現今之栽培種，可降低直接將野生種原利用於作物育種時所帶來的衝擊，透過雜交將不同 NILs 帶有的有利基因堆砌於優良品種中，賦予所育成的品種有更佳的農藝性狀。

引用文獻

Abbasi, F. M., H. Ahmad, F. Perveen, M. Inamullah, M. Sajid, and D. S. Brar. 2010. Assessment of genomic relationship between *Oryza sativa* and *Oryza australinesis*. Afr. J. Biotechnol. 9:1312–1316.

Ali, M. L., P. L. Sanchez, S. Yu, M. Lorieux, and G. C. Eizenga. 2010. Chromosome segment substitution line: A powerful tool for the intogression of valuable genes from *Oryza* wild species into cultivated rice (*O. sativa*). Rice 3:218–234.

Ammiraju, J. S., F. Lu, A. Sanyal, Y. Yu, X. Song, N. Jiang, A. C. Pontaroli, T. Rambo, J. Currie, K. Collura, J. Talag, C. Fan, J. L. Goicoechea, A. Zuccolo, J. Chen, J. L. Bennetzen, M. Chen, S. Jackson, and R. A. Wing. 2008. Dynamic evolution of *Oryza* genomes is revealed by comparative genomic analysis of a genus-wide vertical data set. Plant Cell 20:3191–3209.

Brar, D. 2005. Broadening the gene pool of rice through introgression from wild species. p.157–160. *in*: Rice is Life: Scientific Perspectives for the 21st Century. (Toriyama, K., K. L. Heong, and B. Hardy, eds.) Intl. Rice Res. Inst. Los Baños. 590 pp.

Brar, D. and G. S. Khush. 2003. Utilization of wild species of genus *Orzya* in rice improvement. p.283–309. *in*: Monograph on Genus *Oryza*. (Nanda, J. S. and S. D. Sharma, eds.) Science Pub. lnc. Enfield. 400 pp.

Chambers, S. R., N. Hunter, E. J. Louis, and R. H. Borts. 1996. The mismatch repair system reduces meiotic homeologous recombination and stimulates recombination-dependent chromosome loss. Mol. Cell Biol. 16:6110–6120.

Chang, T. T. 1994. The biodiversity crisis in Asian crop production and remedial measures. p.25–41. *in*: Biodiversity and Terrestrial Ecosystems. (Peng, C. I. and C. H. Chuo, eds.) Institute of Botany, Academia Sinica Monograph Series No. 14. Taipei. 527 pp.

Chen, S. Y., Y. T. Lin, C. W. Lin, W. Y. Chen, C. H. Yang, and H. M. Ku. 2010. Transferability of rice SSR markers to bamboo. Euphytica 175:1–11.

Clauss, M., H. Cobban, and T. Mitchell-Olds. 2002. Cross-species microsatellite markers for elucidating population genetic structure in *Arabidopsis* and *Arabis* (*Brassicaeae*). Mol. Ecol. 11:591–601.

Farooq, S., M. Asghar, N. Iqbal, and T. M. Shah. 1992. Variability in salt tolerance of accessions of wild rice species *Oryza punctata* and *O. officinalis*. Intl. Rice Res. Newsl. 17:16.

Gao, L. Z., C. H. Zhang, and J. Z. Jia. 2005. Cross-species transferability of rice microsatellites in its wild relatives and the potential for conservation genetic studies. Genet. Resour. Crop. Evol. 52:931–940.

Ge, S., T. Sang, B. R. Lu, and D. Y. Hong. 1999. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origins of allotetraploid species. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:14400–14405.

Harlan, J. R. and J. M. J. de Wet. 1971. Toward a rational classification of cultivated plants. Taxon 20:509–517.

Huang, D., G. Qin, C. Liu, Z. Ma, Y. Zhang, and Y. Yan. 2013. Feasibility of utilization of wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) genetic diversity in rice breeding for high yield. Adv. J. Food Sci. Technol. 5:640–645.

Huang, Z., G. He, L. Shu, X. Li, and Q. Zhang. 2001. Identification and mapping of two brown plant hopper resistance genes in rice. Theor. Appl. Genet. 102:929–934.

Ishimaru, T., H. Hirabayash, M. Ida, T. Takai, Y. A. San-Oh, S. Yoshinaga, I. Ando, T. Ogawa, and M. Kondo. 2010. A genetic resource for early-morning flowering trait of wild rice *Oryza officinalis* to mitigate high temperature-induced spikelet sterility at anthesis. Ann. Bot. 106:515–520.

Jena, K. and G. Khush. 1990. Introgression of genes from *Oryza officinalis* Well ex Watt to cultivated rice, *O. sativa* L. Theor. Appl. Genet. 80:737–745.

Jin, H., G. Tan, D. S. Brar, M. Tang, G. Li, L. Zhu, and G. He. 2006. Molecular and cytogenetic characterization of an *Oryza officinalis*-*O. sativa* chromosome 4 addition lines and its progenies. Plant Mol. Biol. 62:769–777.

Khush, G. 1997. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. Plant Mol. Biol. 35:25–34.

Kim, H., B. Hurwitz, Y. Yu, K. Collura, N. Gill, P. San-Miguel, J. C. Mullikin, C. Maher, W. Nelson, M. Wissotski, M. Braidotti, D. Kudrna, J. L. Goicoechea, L. Stein, D. Ware, S. A. Jackson, C. Soderlund, and R. A. Wing. 2008. Construction, alignment and analysis of twelve framework physical maps that represent the ten genome types of the genus *Oryza*. Genome Biol. 9:R45.

Kuleung, C., P. S. Baenziger, and I. Dweikat. 2004. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale. Theor. Appl. Genet. 108:1147–1150.

Li, G., W. Hu, R. Qin, H. Jin, G. Tan, L. Zhu, and G. He. 2008. Simple sequence repeat analyses of interspe-

cific hybrids and MAALs of *Oryza officinalis* and *Oryza sativa*. Genetica 134:169–180.

Li, Z., S. R. M. Pinson, J. W. Stansel, and W. D. Park. 1995. Identification of quantitative trait loci (QTLs) for heading date and plant height in cultivated rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 91:374–381.

Lin, M. S. and P. C. Hung. 1996. Ancestry of rice varieties of Taiwan. J. Agric. Assoc. China. New Ser. 175:88–100. (in Chinese with English abstract)

Lu, F., J. S. Ammiraju, A. Sanyal, S. Zhang, R. Song, J. Chen, G. Li, Y. Sui, X. Song, Z. Cheng, A. C. de Oliveira, J. L. Bennetzen, S. A. Jackson, R. A. Wing, and M. Chen. 2009. Comparative sequence analysis of *MONOCULM1*-orthologous regions in 14 *Oryza* genomes. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 106:2071–2076.

McCouch, S. R., M. Sweeney, J. Li, H. Jiang, M. Thomson, E. Septiningsih, J. Edwards, P. Moncada, J. Xiao, A. Garris, T. Tai, C. Martinez, J. Tohme, M. Sugiono, A. McClung, L. P. Yuan, and A. N. Ahn. 2007. Through the genetic bottleneck: *O. rufipogon* as a source of trait-enhancing alleles for *O. sativa*. Euphytica 154:317–339.

Nowak-Imialek, M., W. Kues, C. Rudolph, B. Schlegelberger, U. Taylor, J. Carnwath, and H. Niemann. 2010. Preferential loss of porcine chromosomes in reprogrammed interspecies cell hybrids. Cell Reprogram. 12:55–65.

Peakall, R., S. Gilmore, W. Keys, M. Morgante, and A. Rafalski. 1998. Cross-species amplification of soybean (*Glycine max*) simple sequence repeats (SSRs) within the genus and other legume genera: Implications for the transferability of SSRs in plants. Mol. Biol. Evol. 15:1275–1287.

Renganayaki, K., A. K. Fritz, S. Sadasivam, S. Pammi, S. E. Harrington, S. R. McCouch, S. M. Kumar, and A. S. Reddy. 2002. Mapping and progress toward map-based cloning of brown planthopper biotype-4 resistance gene introgressed from *Oryza officinalis* into cultivated rice, *O. sativa*. Crop Sci. 42:2112–2117.

Shuang, L. S., J. Y. Lee, C. Y. Lee, Y. F. Chan, K. K. Hwu, and Y. R. Lin. 2012. Application of molecular markers of Brassicaceae in the polymorphic and phylogenetic analyses of broccoli and cauliflower. J. Taiwan Soc. Hort. Sci. 58:45–60. (in Chinese with English abstract)

Uozu, S., M. Tanaka-Ueguchi, H. Kitano, K. Hattori, and M. Matsuoka. 2000. Characterization of *XET*-related genes of rice. Plant Physiol. 122:853–859.

Vaughan, D. A., H. Morishima, and K. Kadowaki. 2003. Diversity in the *Oryza* genus. Curr. Opin. Plant Biol. 6:139–146.

Wing, R. A., J. S. Ammiraju, M. Luo, H. Kim, Y. Yu, D. Kudrna, J. L. Goicoechea, W. Wang, W. Nelson, K. Rao, D. Brar, D. J. Mackill, B. Han, C. Soderlund, L. Stein, P. SanMiguel, and S. Jackson. 2005. The *Oryza* map alignment project: The golden path to unlocking the genetic potential of wild rice species. Plant Mol. Biol. 59:53–62.

Yoshida, K. and N. Miyashita. 2009. DNA polymorphism in the blast disease resistance gene *Pita* of the wild rice *Oryza rufipogon* and its related species. Genes. Genet. Syst. 84:121–136.

附錄　本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study.

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr01	0	CHc0167	ATCAgAAATCTCgTgTggAA	ATggTTATggCgTTggAT
chr01	0	CHc0168	gTTgCACTTTCAAAAggAAT	ACCTCCTTCAAgggTAACAT
chr01	0.3	CHe0169	AATAAAgAgCgCAgAgACAg	CACAAAATgTAgTgCACCTg
chr01	0.3–4.2	CHe0170	TAgCTACAgCAgATCCAACA	AgACAggTCTCTgCTCTgg
chr01	0.3–4.2	RM3252	ggTAACTTTgTTCCCATgCC	ggTCAATCATgCATgCAAgC
chr01	16.1	CH0102	TTCACgAAgCCTCgTTATCTC	gggTTTCgACTTTCgAACAA
chr01	20.2	CHc0171	CATTTTCTgCATAACgATgA	AACACAgCTACACACACgAC
chr01	20.2	CHc0172	AgATTCTCgAgCAATTTCAg	CTgAAgAATgAAATgTCCAAC
chr01	22.6	CH01102e	gCATCAATAgTggCTTCAgA	AgTTggAATTTgATTATgTCg
chr01	22.6	CH01103c	gCATCAATAgTggCTTCAgA	ACCAAAgTTggAATTTgATTA
chr01	20.2–22.6	CHc0173	ggTgTTCTTTTCCATgTACC	CACTTgAgCACTCATTTgAA
chr01	24	C62003	CgggAggAAgATgACgATAg	TAgCTgAAAgTgCCACAATC
chr01	27.3	C52409	TgTAACAgCAATATAggAgC	gTgCATTTgTTCAgTgATAC
chr01	27.6	CH0130	CCTCTATCTCTCTATCCCCAAT	AggTggTATgATCgCCTCT
chr01	28.4	CH0116	CATCCggAATTTCgAgAgAA	AgCACTAgCgCgTTCgTAAA
chr01	24.0–25.4	RM1	gCgAAAACACAATgCAAAAA	gCgTTggTTggACCTgAC
chr01	32.4–36.9	RM490	ATCTgCACACTgCAAACACC	AgCAAgCAgTgCTTTCAgAg
chr01	41.2	CHe0174	ATAgCAggAAgTgAACCAAA	ACTgCTATTCgTgTgCATTA
chr01	41.2	CHc0175	AAggTTTgTgTgTgAAATCC	ATgTCCATCCTgTgAAgAAC
chr01	42.4–43.2	RM243	gATCTgCAgACTgCAgTTgC	AgCTgCAACgATgTTgTCC
chr01	43.2–45.4	CH0117	AgCAgCgACAggTAAAggAA	AAAATgCACgggAACTTACg
chr01	43.2–45.4	CH0112	TTCggAACCAACATTTAAAACA	CTTTggTCAAgCCATTTTgC
chr01	45.4	C52190	TCTTCACCgTTTCTTgCACC	AAACCgATgAAACgCCAACC
chr01	45.4	CHe0176	gAgCATTggAAgAgAAgAAA	TACggCAgATTgTACTgTCA
chr01	46.3–49.0	S10788	AgCCgAggAgCAgAgTgTTC	ATCgTCTAgCCTATCACCTC
chr01	49.6–50.8	RM580	gATgAACTCgAATTTgCATCC	CACTCCCATgTTTggCTCC
chr01	60.6	CHe0177	TACCTCCTTgAAAATgTgCT	TTgTAAATCCCCTACgTTTg
chr01	60.6	CHc0178	ggTATgTTTTCCCATCCTTA	ggCATTCTTTAgCTACTTgg
chr01	60.9–62.5	CH0113	CCCAACggCACATTAAAATC	gATCCTgAggACCTgACACg
chr01	73.1	RM449	TTgggAggTgTTgATAAggC	ACCACCAgCgTCTCTCTCTC
chr01	78	CH0119	ATgTgCATCTTgCCTTACCA	CCTAAgCCggCCAAAAAT
chr01	86	CH0198c	CgTggTAAACATTgATgACA	ATATgTCTAggTgAACTgTgAAC
chr01	86.0–87.1	CH0199e	TTCTgTTTTCAATgTCCTCA	gCTCTCCAgATATgAATCgT
chr01	83.7	CH0179e	TAgCCAATAgACAAgCCACT	TTTTgTTggTgCTgTgATTA
chr01	86	CH0180e	CACgTggAAggAATAAAACA	AgTTTCgAAAggAAAACAgAT
chr01	87.1–87.4	E30745	AAgAAgCAggAgAgTCgTgg	ATAATggATggTTCggTgCC
chr01	95.7–96.1	RM9	ggTgCCATTgTCgTCCTC	ACggCCCTCATCACCTTC
chr01	102.3	RM488	CAgCTAgggTTTTgAggCTg	TAgCAACAACCAgCgTATgC
chr01	100.4	CH0181c	AgAAgCAAgCAAACATCAAT	gTgAgTgAAAgTggggTAAA
chr01	100.4	CH0182e	ACgAAATgCAAggTTAAgAg	CATATTgCCTTTTTgCTTTC
chr01	103.7–106.2	CH01100c	gATgTTgCAggTCTAgCATT	gTTgACCTTATCCTgCAgAC

附錄　本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix　Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr01	103.7–106.2	CH01101e	CCTTgCATCTTTAATCTgCT	ggAAAATCTCAgCTTTgCTA
chr01	114.1–116.5	RM246	gAgCTCCATCAgCCATTCAg	CTgAgTgCTgCTgCgACT
chr01	127.3	RM1183	gggCACgAATAAAACCAgAg	gggATggTCCAATgACAAAg
chr01	129	RM3411	CgTCCTCCAgATggTCCAC	ATgggACTCCCgTACTCCTC
chr01	135.8	RM302	TCATgTCATCTACCATCACAC	ATggAgAAgATggAATACTTgC
chr01	135.8	RM212	CCACTTTCAgCTACTACCAg	CACCCATTTgTCTCTCATTATg
chr01	136.9	RM7180	gTgTTTATAggggTgCCACg	TgTTggTggTgCAggTAAAg
chr01	145.3	CH0120	gTCCACAAACgTAggCCACT	TTTCTgTAgCAACgCACAgg
chr01	145.3	CH0114	CCATAgCgAACACAgCCATA	CCTTgTCAggCAAgCgATA
chr01	146.4	RM472	CCATggCCTgAgAgAgAgAg	AgCTAAATggCCATACggTg
chr01	149	CH0109	gCgAACAgAACATgCTCAAA	ggCACggAACAAggAAATTA
chr01	159	RM1387	gTggCTggCTgATCgATC	AATCAACCCAgCTACCATgC
chr01	159	RM104	ggAAgAggAgAgAAAgATgTgTgTCg	TCAACAgACACACCgCCACCgC
chr01	160.4	CH0183c	gTTAgAgTTgATgCCAAAgC	CACACATCCTTCTgAgTTAgg
chr01	160.4	CH0184c	TgCACATgCTTAACCATAAA	gCACTgCTTTCTACCTTCTg
chr01	170.4–176.3	RM6407	TgAAATggTggAgTCCAAgg	ACggAgCCACTgACAggTC
chr01	181.8	RM6840	TACCAAgACTCCgCTATggC	gAAgAAgggATCATggATCg
chr01	181.8	CH0115	ACAACgAATCCAgACggCTA	TTTTATTggACgATgCACCA
chr02	0	CH0227c	AggTCTTTgACATCTCATCC	gCAgCACAggTTTATTCAgT
chr02	0	CH0228e	TCTCAgATgAAgTgACATgC	TCCTCgAgAACATTACCCTA
chr02	0	CH0229c	CATCTggCggTAAgAAgATA	AgCCTgCACATCAAATTAAg
chr02	2.5	RM7451	TAATACgAgCAgCgATCgTg	gCTAATTgCAgCTTgTgTCg
chr02	4.7–6.9	RM154	ACCCTCTCCgCCTCgCCTCCTC	CTCCTCCTCCTgCgACCgCTCC
chr02	8.9–10.8	RM211	CCgATCTCATCAACCAACTg	CTTCACgAggATCTCAAAgg
chr02	13.4	RM279	gCgggAgAgggATCTCCT	ggCTAggAgTTAACCTCgCg
chr02	17.9	RM423	AgCACCCATgCCTTATgTTg	CCTTTTTCAgTAgCCCTCCC
chr02	25.5	RM3294	TTACACACACTACggACgCg	CCTggTggTACCTCTCTTAATC
chr02	26.9	RM5780	gCTgCTgCATCTTCTACTgC	ACgCACATgCCTAAgCCTAg
chr02	29.8	RM53	ACgTCTCgACgCATCAATgg	CACAAgAACTTCCTCggTAC
chr02	33.6	RM174	AgCgACgCCAAgACAAgTCggg	TCCACgTCgATCgACACgACgg
chr02	36.8	RM145	CCggTAggCgCCCTgCAgTTTC	CAAggACCCCATCCTCggCgTC
chr02	43.4	RM5356	AgAgCACTTggAgTgAAgAgg	AAgCgAgggAgACAgATgC
chr02	51.1	RM324	CTgATTCCACACACTTgTgC	gATTCCACgTCAggATCTTC
chr02	51.9	C2544	ATCTCgCTCCTCgCCgTCTC	CggAgATTgCTgTgCCTgAC
chr02	54.6	CH0211	gCAgCAAAgTgCggAgTA	CAggTgAATTgCCAATTT
chr02	54.6	RM5179	ATgAgCTAATgTTTCTAAgC	CAAATTgATTAgTTTgAACC
chr02	57.9	S5302	TggAgCATTCATTTgTTgTg	CAATAAgAgTgTCCTTCgCC
chr02	62.2–71.3	CH0226	TTCTTgTgggATACAggAAg	TAAgATCgAgTTggATggAg
chr02	57.9	CH0221	gTAgTgAAAAgATCCTCggTTT	ATggTTTTAAAgTAACTCTTTT
chr02	64.7	CH0222	TggCCTAATCAgTCAAATAAA	gTCggATggCTAATACAAgA
chr02	64.7	CH0223	gCTAAAgAgAAgCAATgTTCA	TCATTTACATCCATCgTTTg

附錄 本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr02	71.3–77.8	RM341	CAAgAAACCTCAATCCgAgC	CTCCTCCCgATCCCAATC
chr02	71.3–77.8	CH0249e	ggCATggTCCCAgATgTAAg	TTCCCCAgCTgAgAgACATC
chr02	71.3–77.8	CH0250c	ACAgCgTgggAAATgAAgAA	CCTCAgCAACAAgCAATCAA
chr02	80.5	RM475	CCTCACgATTTTCCTCCAAC	ACggTgggATTAgACTgTgC
chr02	88.2	RM3688	gTTgAATCAAgCTgTgCAgC	AgCTAggCAAAgCATgCATg
chr02	95.2	RM3355	CATATgCAATTgATgTTTCg	TTAATTCCTTggTCTCAAATg
chr02	103.9–105.8	RM263	CCCAggCTAgCTCATgAACC	gCTACgTTTgAgCTACCACg
chr02	110.9	RM1367	gTgTgTACgTAggATCggAg	TgCTACTCCTAgCTgCTACC
chr02	110.9	RM1367-2	gCATCgTTCATgTACACTgg	CTgCTACgCTgCTACTCCTAg
chr02	110.6	CH0251e	gCTTTggTTCAggACTCAgg	TCTTgCAATCTTTTCCTCCA
chr02	110.6	CH0252e	gAAAgATgCggAATACCAACA	TTTCCAgCAgTCAggTgAgA
chr02	118.1	RM525	ggCCCgTCCAAgAAATATTg	CggTgAgACAgAATCCTTACg
chr02	135.5–138.0	RM240	CCTTAATgggTAgTgTgCAC	TgTAACCATTCCTTCCATCC
chr02	138–140.9	RM250	ggTTCAAACCAAgCTgATCA	gATgAAggCCTTCCACgCAg
chr02	156.3	CH0230e	CTAgCAgggTTAggAggAAC	TCTgAAACTTCgCTCTgATT
chr02	157.9	CH0231c	TTAACTggTAgTTggCTgCT	ACAAAAACgTTTgAgAATTgA
chr02	157.9	CH0232c	TCgCTgATgCAgAATTAgTA	ATTgCACACTCCAAgTATCC
chr02	157.9	RM207	CCATTCgTgAgAAgATCTgA	CACCTCATCCTCgTAACgCC
chr03	0.0–1.1	RM60	AgTCCCATgTTCCACTTCCg	ATggCTACTgCCTgTACTAC
chr03	0.0–1.1	CH0322e	TTAAAACATgAAAAAggAAgC	TCAgAgTTAACggTCATgTg
chr03	0.0–1.1	CH0323c	TgCTTTgAACACAATgAgg	AAACTACACTgAggATTAgCC
chr03	1.1	CH0324e	AgTTCATTCCAAgCTCATgT	AgTTTACACCgAACAgTTgAA
chr03	2.2	RM3203	AgAgCATCATgCAggTCCTC	ATACgAATggAgTgCAAggg
chr03	2.2	RM3202	TTCACTTCCTATTggCggC	TCATCATCAgTCCAgCATCg
chr03	6.3	RM22	ggTTTgggAgCCCATAATCT	CTgggCTTCTTTCACTCgTC
chr03	11.5	RM231	CCAgATTATTTCCTgAggTC	CACTTgCATAgTTCTgCATTg
chr03	24.4	RM6038	CTTCgCCCgCATAAgTCTAg	gTAgTCCgACTCgATCTCCg
chr03	25	RM545	CAATggCAgAgACCCAAAAg	CTggCATgTAACgACAgTgg
chr03	25.9	RM5480	AAgAAgAggATTTCCTCgCC	gTCCAAgATTTCgCAACgg
chr03	29.1	RM517	ggCTTACTggCTTCgATTTg	CgTCTCCTTTggTTAgTgCC
chr03	40.3	RM218	TggTCAAACCAAggTCCTTC	gACATACATTCTACCCCCgg
chr03	44.4–46.6	RM251	gAATggCAATggCgCTAg	ATgCggTTCAAgATTCgATC
chr03	48.5	RM3803	gACCTCTACAAgTCACCCgg	gCTAgCCggACTTgTAAAAg
chr03	55.8	RM282	CTgTgTCgAAAggCTgCAC	CAgTCCTgTgTTgCAgCAAg
chr03	61.9	CH0325c	TCCCTCAgAgCATTCTgTAT	CACTggAATggTAAgTCCTg
chr03	61.9	CH0326c	AAATggCAgTAgTTCAgTTCA	AAggAAAATggCACTACAAA
chr03	61.9	CH0327c	CTTgCATACCACAgAAgCTC	ACTTCCCAAAgATCAAAggT
chr03	73.5–76.6	CH0347e	gCCCATCCATgAATCACTAA	TACTTAgCTggCggTggAgT
chr03	76.6–83.0	CH0348e	gCCgTTTggAATgATACTgC	TgCATggATTTgCTTgATCT
chr03	87.9	RM7134	TTCTACgCgTgCATATggTC	ATggCgCCATTAggTTAgAg
chr03	91.1	RM16	CgCTAgggCAgCATCTAAA	AACACAgCAggTACgCgC

附錄　本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr03	96.6–99.0	RM5626	gCAgACgAgATgAgATCg	gTAgAggATgggCAgCAg
chr03	101.6	CH0328c	TCCATCTggAAAATgTAACAgg	TggTTCgTATTTCTTTATTTTgTgA
chr03	101.6	CH0329e	CTCCAATCTCCCCATCACTC	CATCgTgCCCCAgTTCAC
chr03	101.6–101.9	CH0330e	ATTAATCCTCCCCTCCTCgAT	CTCTggTACATCTCCgACAgC
chr03	115.6	RM2334	CATgCATCTgATCTgATTAT	TgTgAAgAgTACAAgTAggg
chr03	115.6–119.7	RM7097	gggAggAggAgAggAgATTg	TTAggCCTgCACTTTTggAg
chr03	120.4	RM135	CTCTgTCTCCTCCCCCgCgTCg	TCAgCTTCTggCCggCCTCCTC
chr03	122.8	RM168	TgCTgCTTgCCTgCTTCCTTT	gAAACgAATCAATCCACggC
chr03	127.1	RM186	TCCTCCATCTCCTCCgCTCCCg	gggCgTggTggCCTTCTTCgTC
chr03	149.1–151.5	RM143	gTCCCgAACCCTAgCCCgAggg	AgAggCCCTCCACATggCgACC
chr03	151.5	RM1038	TggTTCgATTCggATTTC	AAgCTATTCACAAgCAgCTC
chr03	140.1	CH0331c	TCACCAACAACAATCAgAgCA	CCAATgTCggTgATCTTgTg
chr03	140.1	CH0332e	CAAAgCgCACCATTCCTATC	ggCTCACgCCATAgCTTAgT
chr03	140.1	CH0333c	AAgTggAgACCTCAACAACCT	TCTTCTTgCAATTATTggTTgg
chr03	160.1	CH0334e	TCAgAAgAgCCTACTggATT	AgATTATATATTgACAATCTTCACg
chr03	161.7	CH0335c	CTCTTggTTACAACTTAAAAgg	ggACTAgTACCTggCCCAAAg
chr03	166.4	RM85	CCAAAgATgAAACCTggATTg	gCACAAggTgAgCAgTCC
chr04	3.1	RM551	AgCCCAgACTAgCATgATTg	gAAggCgAgAAggATCACAg
chr04	3.1	CH0466c	ggTgCgACggTATAgTAATC	TggTTCAgAATgAgTTTAgTTg
chr04	5.1	CH0467e	TAAggCATCAAgAACAggAC	TgTATAgAggCCAggTCATT
chr04	5.4	CH0468c	AAATggTTTTTCCAACTTCA	AgTACggTACCCTTCCTAgC
chr04	6.5	E2762	gCTCTTCCCTgATTgATTAC	TCCAAAACTAAgCCATAgTC
chr04	8.7	C61009	ggCCAgCAAggTgTAgTAAg	ACAAACCCCAgCACCCTAAg
chr04	7.9	RM518	CTCTTCACTCACTCACCATgg	ATCCATCTggAgCAAgCAAC
chr04	20.9	CH0469e	CTAgTgCACTCAgTTgCAgA	ATATgCAAgAAgAgCCTgAT
chr04	20.9	CH0470c	ATgCCATAAACTgACATgCTg	gCACAATggTAgCACCTgAA
chr04	23.3	CH0471e	ggTggAAAATTgCCTAgATT	TgCAAAAATAgTTATAAAggTAAAg
chr04	25.4	RM5687	gATCgCTggCgATTgATC	gACTTgTggggTggTTTTTg
chr04	30.8	SLS162	gTggTggTggCTCTCTATCT	CCACCTCTATTTCTCTCCTC
chr04	30.8–41.5	C12802	AgTTgCAgAgAgggCTATTg	ACAgCgTAggAAAgATgAgg
chr04	30.8–41.5	SLS190	gTTggCTgTCTCTTATTTgT	ATTCCAATTCgTAgAATTACTC
chr04	41.5	CH0493e	TTCCTTggTgAAAgATgCTAA	ggTgTAgAgAACACggAATCCT
chr04	41.5–44.0	CH0494e	TTATTgggTTAggTAATgCTTCAA	CATCATCTTgggAgCATgTg
chr04	41.5–44.0	CH0495e	TgAACTgAAgggAATgAgTgg	AACTTTTgCATgAAATAAAACgA
chr04	44.0–48.3	CH0472c	ACggAgAgAgAAgTCCTgA	TTTTgAACgAgATTCAgACg
chr04	44.0–48.3	CH0473c	CATAgACACAATgAACTgCAA	CTgAATACAggTCTCggAAg
chr04	44.0–48.3	CH0474c	gCgCgAAAggAAAggATA	TTCAATTTAggggTATATgAgg
chr04	49.7–52.6	STS318	CAATgCATACTCCACTTCTTC	ATAAgTTCTCTACCTgCCgTT
chr04	49.7–52.6	STS319	ACTggCACTgCTATTTACTTg	CAgATgAgACTTTCTCCACAg
chr04	49.7–52.6	STS385	TCATAgTgATTAgCCCTgAgA	gCTgggTTTCTTCTTCATATT
chr04	49.7–52.6	STS379	AgTCATAATTAAggCCACTCC	CAgggATAggAAgAAgAAgAA

附錄 本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr04	56.1	RM1359	AACgAATTCTATTTTgCgTC	TTCTTCTCATTTCAATTCgC
chr04	58.9	RM1155	AgggAgTgTggCAACTATgC	gggAggAgTgAgAAgggATC
chr04	60.2	RM7313	TATgTgggCTCgTgggTC	TCTCATCCgTTTCTTCCACC
chr04	62.6	RM5757	CCTgAgACCATATgCTgCTg	gAgggAgCATCATTAgCTgg
chr04	72.8	CH0449	TAATCgCTgCTCCCTAACTA	CACACATACCCgTAACACAg
chr04	74.2	CH0450	CCCCTCCACTCgAATCAATg	AATCAACTCAAgCgCCAAAT
chr04	74.2	CH0451	AgAggAgAACCTTTTCTTgg	ACTgCTTTTgCTACTTTTgg
chr04	77.9–78.2	RM252	TTCgCTgACgTgATAggTTg	ATgACTTgATCCCgAgAACg
chr04	81.7	CH0475c	CAACgTACAACAATCAATgC	ACAgACCgCTAATCTTCAAA
chr04	81.7	CH0476e	TACACggAAggCTATgTTCT	TCTCCgTTCATCAgTCTACC
chr04	81.7	CH0477c	CCACCTgTTCCTCgTTAgTA	CTggTAAgCTCTCCTTCTCC
chr04	83	RM241	gAgCCAAATAAgATCgCTgA	TgCAAgCAgCAgATTTAgTg
chr04	87.1–94.4	RM470	TCCTCATCggCTTCTTCTTC	AgAACCCgTTCTACgTCACg
chr04	94.4	RM273	gAAgCCgTCgTgAAgTTACC	gTTTCCTACCTgATCgCgAC
chr04	94.4–96.0	RM317	CATACTTACCAgTTCACCgCC	CTggAgAgTgTCAgCTAgTTgA
chr04	97.7	RM6089	CCACCgAATCgAATAACCAC	ATggCCAgCgTgATCTCC
chr04	113.2	RM1153	ACCAACgCCAAAAgCTACTg	TACTCgCCCTgCATgAgC
chr04	114.3–120.3	RM5506	AggCgATgTTTgATCTCgAC	CTggACgTACACACACgTACg
chr04	122.9	CH0478e	AATTgCATgATTAACATggTC	gATgCCTgAACgAgTAAgAA
chr04	122.9	CH0479c	TCTTACTCgTTCAggCgTCA	CCTCTgCgATATCCgTgT
chr04	123.8–128.5	RM567	ATCAgggAAATCCTgAAggg	ggAAggAgCAATCACCACTg
chr05	0.0–3.0	CH0531c	TgTTATgTAAgTgTATTgACTgAA	ggATggTCAAgTATCTCAgC
chr05	3	CH0522c	ATggTACTgCTgCCTATTgT	gTTTggTCgTCAAAgTCATC
chr05	0.0–3.0	RM1248	ACAAgCAgCTAATggTTggg	gTgATTTTggCTCAggTCAg
chr05	3	RM1182	ggCCCAgATTCgATgTAATg	AAAgCTTCTTCCgCTTCCTC
chr05	6.5	RM7029	gATTCCCTgCAggAACAATg	CAAggCAgACAACAACATgg
chr05	12	RM2010	ATCTTCTAggAAATCgAggA	gTTggCAACTTgTAgTCTTg
chr05	12	RM5796	gCgATggAACATgAAgTgTg	TggATgTTCTgATgCAgAgC
chr05	14.1	RM1024	gCATATACCATggggATTgg	gggATTgggATAATggTgTg
chr05	19.0–20.1	RM7302	AggAggAAgAAgAgATTgCg	CCCACACgAgATgAgATTgg
chr05	20.1	RM3345	AgTgTCCCCTTTTCTCTCCC	gCTTCTTTgCTTCCTATggg
chr05	24.7	RM267	TgCAgACATAgAgAAggAAgTg	AgCAACAgCACAACTTgATg
chr05	29.1	RM574	ggCgAATTCTTTgCACTTgg	ACggTTTggTAgggTgTCAC
chr05	32	RM3777	gCTCCCAAATCTTggTCTTg	TCTCACCTCTTCCCTACAAgC
chr05	32.5	E3528	gggAAgAAgAgTAgAggCTg	TACACCCCAATATACCTTCg
chr05	39.2	STS204	TgTAATCATCACAAATCACTgT	ATgTAATggATCgTATCATCg
chr05	41.4	CH0523e	TTACAAATgCATTgATTTCTTT	TATCCAgTgCTTgTgATTCTT
chr05	45.8	S6520	CTCTACgCCAAAgAAAAgAg	ggTCCCTTAgCCACAAAACC
chr05	49.4	RM289	TTCCATggCACACAAgCC	CTgTgCACgAACTTCCAAAg
chr05	60.7	RM3838	AgATgTTgCCAgTTTgCCTg	TAgTgTCTTTgTgCAAgCCg
chr05	60.7	CH0525e	ggAATTgAgCAgggTgTAT	CAACTgTCTgAACgCTTCTA

附錄　本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix　Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr05	60.7	CH0526c	gggAACAAAATgATTCATCTAA	gTATggAACCCCAACTCAg
chr05	70.5–73.9	RM430	AAACAACgACgTCCCTgATC	gTgCCTCCgTggTTATgAAC
chr05	80.4	CH0527c	CCAgTATgACCTTTCgACTg	TACCgATgAATgTTATgCTT
chr05	80.7	CH0528c	CCCCTCAATAAAATgAgACA	CgTgCCATAAAAATCAgACT
chr05	80.7	RM161	TgCAgATgAgAAgCggCgCCTC	TgTgTCATCAgACggCgCTCCg
chr05	95.3	STS208	CAAAggTATgATgAggATAAgg	TAgATTCgTCTCgCAgTTTAC
chr05	101	RM3476	gATTCTCgTCgTAATCAAgA	ATCCACggTTAAgATAAATg
chr05	111.6	RM480	gCTCAAgCATTCTgCAgTTg	gCgCTTCTgCTTATTggAAg
chr05	122	RM1054	TgCATATgTACCgCAACCTC	TTTCTgCATgATCCCCTCTg
chr05	122	CH0529c	gTTTTCTCCTgAggTCAATg	CAgAATCCTTgggAgCTTAT
chr05	122	CH0530e	AgCTAgACgCATAgTgTggT	ACAgCTCTgCTAATTTgCTC
chr05	122.3	E1113	AggCCTCCTCCgTCTTCATC	CACACACgTCggTCggACAg
chr05	122.3	CH0502	ATATCggAggCCTTTCAC	TgAgACTCAggCTAgCTTTTC
chr05	122.3	CH0503	gggAAgACATCTgCCTCTAT	gAAATTggCTAggCTTAATg
chr05	122.3	CH0505	gTATCCCTATggCgggATCg	CCAgACTCCAgAggTCTATC
chr06	0.0–0.6	CH0655c	ATTgACCAAACCAAgAAAgA	AgATgATTggTTgCATgTTT
chr06	0.9	CH0656c	TTgATTACTCTCTCCTgTATAAAgTC	AgTATATAgCggACTgCATgg
chr06	1.4	RM508	ggATAgATCATgTgTggggg	ACCCgTgAACCACAAAgAAC
chr06	8.2	RM190	CTTTgTCTATCTCAAgACAC	TTgCAgATgTTCTTCCTgATg
chr06	12.9–13.5	RM584	AgAAAgTggATCAggAAggC	gATCCTgCAggTAACCACAC
chr06	12.9–13.5	RM225	TgCCCATATggTCTggATg	gAAAgTggATCAggAAggC
chr06	13.8	RM6734	TgAgCAgTCTgCAgATgACC	gCTTggACTTggAgTCTTgg
chr06	19.1–31.3	RM253	TCCTTCAAgAgTgCAAAACC	gCATTgTCATgTCgAAgCC
chr06	33.5–34.3	RM276	CTCAACgTTgACACCTCgTg	TCCTCCATCgAgCAgTATCA
chr06	38.3–40.2	CH0657c	ATTTgggTCATTCCTCCTAT	TTggCTATTTCTTCCATTgT
chr06	40.2	CH0658e	AATCATTCTACAAAggAAAgC	TCAgggACAAggTTTgTTAg
chr06	56.3	RM527	ggCTCgATCTAgAAAATCCg	TTgCACAggTTgCgATAgAg
chr06	58.7–61.6	RM3330	ATTATTCCCCTCTTCCgCTC	AAgAAACCCTCggATTCCTg
chr06	61.6	CH0659c	ggCTAgTCTCCCTgAggTAT	CTgCTTAgCTCCTTAACAgg
chr06	61.6–62.6	CH0660e	TAAgTgATgggTTACCATgTg	AgCTATggTCATTgATgAAA
chr06	63.2–64.0	CH0661c	TgCTCACTCgCTAAgTATTg	gCTCCAACCCTTCTTgATAC
chr06	67.7–68.5	RM541	TATAACCgACCTCAgTgCCC	CCTTACTCCCATgCCATgAg
chr06	67.7–68.5	RM3	ACACTgTAgCggCCACTg	CCTCCACTgCTCCACATCTT
chr06	87.5	RM162	gCCAgCAAAACCAgggATCCgg	CAAggTCTTgTgCggCTTgCgg
chr06	100.8–103.0	RM528	ggCATCCAATTTTACCCCTC	AAATggAgCATggAggTCAC
chr06	105.1	RM30	ggTTAggCATCgTCACgg	TCACCTCACCACACgACACg
chr06	110.6	RM400	gTgCAACCggCACTCTTATC	gAgAAggCggAgAgATCTgA
chr06	110.6–113.1	RM3138	TTgACAAgAgATCAAggCgg	gTgAATgTTgAgCTgCATgg
chr06	124.4	RM5463	ACCCTTgCAgACAACgTACC	ATATACCAgCAgCTgCATgC
chr07	0	CH0715e	TCACATCAAAgTgTTgTAggTT	ggTCTTgCTAAATTgTCCTg
chr07	0.8	CH0716c	TgTTTTgATTCTTCAAgTgC	ggCAAACACTAggACAAAAg

附錄 本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr07	24.2	CH0717e	AAgCATgAACCgAAgTAAgA	CCATCATACACTCCACCAgT
chr07	24.2	CH0718c	CACgTCAAAgTgATTTTCAg	CCATAATgACCACAAAgACA
chr07	11.0–24.2	RM481	TAgCTAgCCgATTgAATggC	CTCCACCTCCTATgTTgTTg
chr07	41.7	RM125	ATCAgCAgCCATggCAgCgACC	AggggATCATgTgCCgAAggCC
chr07	44.1	E10534	ACCTgCAgCACACTggTTTC	gCAgCATCCAAACATgATAg
chr07	49.7	S20922	ATATgCACAAAggTAgCgTg	TgCTATTATCgACAAgAAgg
chr07	49.7	CH0705	gTTTTgTgCATTCCTTTAC	TTTATgACATTTTgACCg
chr07	49.7	RM214	CTgATgATAgAAACCTCTTCTC	AAgAACAgCTgACTTCACAA
chr07	60.8	RM6767	ACAAgCAACTTgCACTgTgg	CATCgCCTgggAgATCATAC
chr07	61.6–61.9	RM418	gATCgAgCATCAACACAACg	TTAAgTCTgAAgCCCCTgCT
chr07	67	RM11	TCTCCTCTTCCCCCgATC	ATAgCgggCgAggCTTAg
chr07	73.2	RM3826	TTAgCTTTCCTCCAgTCTCC	ACgggTATCTgAAACACAAC
chr07	78.9	RM10	TTgTCAAgAggAggCATCg	CAgAATgggAAATgggTCC
chr07	83.3	RM8026	TAAgCCAAAACggTTTATTA	ACgTAgTTTCTTTTTCAgCA
chr07	83.3	RM1132	ATCACCTgAgAAACATCCgg	CTCCTCCCACgTCAAggTC
chr07	93.9	RM234	ACAgTATCCAAggCCCTgg	CACgTgAgACAAAgACggAg
chr07	118.3	RM420	ggACAgAATgTgAAgACAgTCg	ACTAATCCACCAACgCATCC
chr07	88.7	RM6420	CATgggCCgTACTACgTAgg	gAgTTCTCCAgCCACTCCAg
chr07	81.9–83.3	RM6042	TCCAgCgAgAgAACAgCg	gAgggATggAggAAggAAAg
chr07	81.9–83.3	RM1365	CAggCggTgATTTTCTTCTC	gACAACTCAgTTCCAATCCC
chr07	84.6	CH0709	CACCATTAgAAggCCAATAg	ATCTTTTgCATgTCCTTACg
chr07	84.6	CH0714	AACAAgAggTTggAAcAAAA	ACTTCTACCCACAgTTACgC
chr07	102.3	CH0706	gggTgCATATAAAAAggAgTT	AAgTTACCAACCTCTgTTCg
chr07	105.7	CH0707	CAAgACAgCAATgAAgATCA	gAggATCATggTTCAgACAT
chr07	105.7	CH0708	CTTgATTTgCgAAAgAgTTT	TgACgAggATATgAATgATg
chr07	116.6	CH0701	CTACTgCTCCgTATTgCTgCT	gTgCCAATTACCTTCCCgTA
chr08	0	RM2344	TAAgTgAAATCATACTTTAA	CCTTTTACTgTAATTAACTA
chr08	0	RM5911	CCCTCTTTTTAAgTCTgggg	ggTgCCTCCTTTCAAAgTTg
chr08	0.5	RM337	gTAggAAAggAAgggCAgAg	CgATAgATAgCTAgATgTggCC
chr08	1.9	CH0883e	TgAATTCgATCAAAATAgCA	TCAACACAgATACTCgTACCAC
chr08	3	CH0884c	CAAgCCCgTAAgATTCTC	TTgCATCAATATACTCAACACA
chr08	3.6	RM152	gAAACCACCACACCTCACCg	CCgTAgACCTTCTTgAAgTAg
chr08	20.2	CH0885e	TCCTTCTATTCAgCACCTTg	TggTAATgAgAAAAAggTgAA
chr08	20.2	CH0886c	ATATTgTggCCTCAACAgAg	TgAAgggCACTACTgAATCT
chr08	26.3	RM1376	CATgTgTgATgACTgACAgg	ggTgCTgTgATgATTCTTTC
chr08	34.6–35.7	RM25	ggAAAgAATgATCTTTTCATgg	CTACCATCAAAACCAATgTTC
chr08	40.2–42.9	CH0887e	TgTTTTgCAgTCATCAgAAA	ATTTCTTgCAgACCTTCgTA
chr08	40.2–42.9	CH0888c	TggTCTCgTTACATgACAAA	gCAAAAgTTCTCTgTTgCTT
chr08	45.4	RM8019	CAAgACAgATAAAgCATTAA	gTAgTTTTgAAgTgATggAA
chr08	45.4	RM72	CCggCgATAAAACAATgAg	gCATCggTCCTAACTAAggg
chr08	54.3	RM331	gAACCAgAggACAAAAATgC	CATCATACATTTgCAgCCAg

附錄 本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr08	60.1-60.4	CH0889c	gATTCgCACTTgCTATTTgT	CTTgTACATgAATCCCTCgT
chr08	60.4	CH0890e	gACAgAggAgAAgCAggAAT	gAgAAAgTCTgAAgTAgTCATgTg
chr08	70.1	CH08103c	CgAgCAgTTTATCCCTCCAT	ATTggCTCgAgAACCAAgAA
chr08	72.2	CH08104c	TTgTTggTgCATggTCTTTC	gTgACgTTgCCTTTCCATTC
chr08	72.2	RM515	TAggACgACCAAAgggTgAg	TggCCTgCTCTCTCTCTCTC
chr08	75.7	RM223	gAgTgAgCTTgggCTgAAAC	gAAggCAAgTCTTggCACTg
chr08	80.4	CH08101c	TTCgCAgATAAACTAgAgAgAgTACAA	gCTCgCTgACTCCgATTg
chr08	80.4	CH08102c	CTCTCTTCAgCgggAAAT	gAgATCTggCTggTCgTC
chr08	96.6	RM256	gACAgggAgTgATTgAAggC	gTTgATTTCgCCAAgggC
chr08	109.3	RM447	CCCTTgTgCTgTCTCCTCTC	ACgggCTTCTTCTCCTTCTC
chr08	120.4	RM4153	TgTggTAgACTTTCTTAgCC	ggTCCCTAgTTggATATATg
chr08	121.2	RM4997	CCTTCACggAAAATTAATgA	gTACgACAAgATCAgTgTgC
chr08	121.2	RM4154	AgAAgATCgATCgAAgAAAC	ATCATgAAACACAATAAggC
chr08	121.2	RM5545	CAgCACTCCTCCCCTACCAg	ggCTAAgTCAgCgTgAgACC
chr09	0	CH0923c	ggATTTCATCCAATACAAgC	gTCTAgTCAATgCCCACCT
chr09	0	CH0924e	gTTTgTgCCATCATCTATCC	gggTTggTgTgACAATAAAT
chr09	20.7	CH0925c	TgCATAAATTAgAAACTgTgg	ACATCATTTCATATgCCAAA
chr09	21.4–26.7	CH0926c	AgTCTgTgAggAggTCACTg	gAACCAgACAgTTCCgAAT
chr09	21.4–26.7	CH0927c	CATCgCCACATAgATAACTg	gATggCAgCAAACTTgTATT
chr09	26.7	RM1328	gAATgggATTAgACgATTTg	CCATgAgTgACATCAAAAgg
chr09	34.9	RM3912	TgTgTgTgCCCgATCTAC	CCTCTCgATgAgCATTCC
chr09	40.7	RM105	gTCgTCgACCCATCggAgCCAC	TggTCgAggTggggATCgggTC
chr09	40.1–40.7	CH0928c	CCATgCTCATAATTTCAACAg	TggTAgACTTgggAgTTgTT
chr09	40.1–40.7	CH0929c	TAgTTCAggTgCACggTAAg	TATCTCCCCATAAACTggTg
chr09	41.9	RM524	TgAAgAgCAggAACCgTAgg	TCTgATATCggTTCCTTCgg
chr09	50.7	RM566	ACCCAACTACgATCAgCTCg	CTCCAggAACACgCTCTTTC
chr09	50.7	RM6771	gCATCAAgCgAATCTTAgCC	TAgTCgCCgATggATAAACC
chr09	58.3–60.8	RM1189	AACTgCCCATTTgTCgTC	gACTCCggACTAgACCAATC
chr09	63.0–65.1	RM257	CAgTTCCgAgCAAgAgTACTC	ggATCggACgTggCATATg
chr09	72.1	RM242	ggCCAACgTgTgTATgTCTC	TATATgCCAAgACggATggg
chr09	74.7	RM278	gTAgTgAgCCTAACAATAATC	TCAACTCAgCATCTCTgTCC
chr09	75	RM3909	CCTCTTTggACATAATgggC	gTCCTCCCCACAgAACACAC
chr09	78	RM201	CTCgTTTATTACCTACAgTACC	CTACCTCCTTTCTAgACCgATA
chr09	82.4	CH0931e	AATCCgCTgAAATgACCT	ACCTTCCATgATTTTTAACg
chr09	90.1	CH0932c	gTACAgACACCCAAgAACCA	AgCTgTTTgTACATAgCTACTCA
chr09	90.1	CH0933c	ATAggAAAgCCCAgCgAAgA	TTTgAATAggTgTgAAAgAgg
chr09	93.5	RM3744	CAggTAAgTTTTCATTTTCA	gAgCAggAgTAACAgTTgTA
chr09	93.5	RM205	CTggTTCTgTATgggAgCAg	CTggCCCTTCACgTTTCAgTg
chr10	0	RM6364	gTAggTgAggAggATCTTgT	AATTTCTCgATTCTTCCTTC
chr10	1.1–1.9	CH1026e	ATTTCCgCAACCACTACgAg	ggCCggCTAgTgggTAgTAg
chr10	1.1–1.9	CH1027e	TTgggCCgAAgAAgAAgTAg	TCTTCCTgTgTggggAAgAg

附錄 本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr10	5.5	RM222	CTTAAATgggCCACATgCg	CAAAgCTTCCggCCAAAAg
chr10	11.7–13.3	RM216	gCATggCCgATggTAAAg	TgTATAAAACCACACggCCA
chr10	17.9	RM6207	TCTggCAgTgAACgTggC	AACgggTAgAgATgCACCAC
chr10	17.9	RM3311	TCTggCAgTgAACgTggC	AACgggTAgAgATgCACCAC
chr10	23.1	CH1017c	CgAAAggTTTgACAgATgTT	TTgTCgTTATATggCTTCCT
chr10	23.1	CH1018c	AATTTATTgCgAAAggTTTg	TTgTCgTTATATggCTTCCT
chr10	24.2	CH1019e	AAgCACAgAAAggAACTgAA	CTgCAATCAATTCTgCAATA
chr10	26.1–30.2	RM467	ggTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC	CTCCTgACAATTCAACTgCg
chr10	30.2	RM5708	AATTAgAACCATCTgAATTg	gTATTTAAggTCACgTATCg
chr10	42.7	RM1375	CTACACgCgCAAACTCTgTC	ATgAAggTCTAggCTgCACC
chr10	42.7	RM1375	CTACACgCgCAAACTCTgTC	ATgAAggTCTAggCTgCACC
chr10	48.8	RM258	TgCTgTATgTAgCTCgCACC	TggCCTTTAAAgCTgTCgC
chr10	58.3	RM184	ATCCCATTCgCCAAAACCggCC	TgACACTTggAgAgCggTgTgg
chr10	53.3	RM304	TCAAACCggCACATATAAgAC	gATAgggAgCTgAAggAgATg
chr10	61.7–68.6	CH1020c	CgTTAgTgggTTCTCTTgg	AgCATACgCATCTTTCTAgC
chr10	68.6	CH1021e	TTTTgTATgCAACTTCAAgg	gCTTTTgCACAATTATATCACA
chr10	68.6–71.4	CH1022c	AgAgggAgAgATTgCCATTA	CCATgAggTggTTTTCTTTA
chr10	73.7	RM6673	CATCgCATCgTATCgTATCg	gCTTCAAACACgCCTTCTTC
chr10	73.7–83.0	RM5471	ACAggTAATgAACAgCTTgC	AgTAgCAgCAAAAgggAAAg
chr10	73.7–83.0	RM333	gTACgACTACgAgTgTCACCAA	gTCTTCgCgATCACTCgC
chr10	73.7–83.0	RM496	gACATgCgAACAACgACATC	gCTgCggCgCTgTTATAC
chr10	73.7–83.0	RM228	gCCATTAgTCCTTggTTTTCCT	ACAAggATCggAAgTAgACgAg
chr11	0	CH1130c	CCTCTCgAAACgATATTTgA	ATTCCgTgTTgCTTgATTCT
chr11	0	CH1131c	gCCCTTTACTTTTAggTCAAC	ggTTgCATACTggTTCCTT
chr11	0	CH1145e	gCACAgCCTgCACAgTgTAA	ggAATTCgCTCTCAACgAAg
chr11	0	CH1146e	CTCAATgTACTTgCgCTTCg	TTCAAAgCTTCATTCACAgCA
chr11	1.4	CH1132c	AAgCAAAAggTgAAgAAATC	gCAgAgggTAAATTCAACAg
chr11	1.4	RM286	ggCTTCATCTTTggCgAC	CCggATTCACgAgATAAACTC
chr11	19.8	RM6544	ACCACTATgCACCCTTCgTC	gAATgCTCTgCTTCgTTTCC
chr11	19.8	RM1124	AAgCTATCCCCCTTTTTggC	AgggATCggTAgACCCAATC
chr11	20.3	CH1134e	CAAgAACACAggggAgTTTA	TgTTAAgCCTgCAACTAAAA
chr11	20.3	CH1135c	TgCAATggATCgATgATTTA	TTTgTTgAgTAATgAAAACAgC
chr11	20.3–27.8	RM167	gATCCAgCgTgAggAACACgT	AgTCCgACCACAAggTgCgTTgTC
chr11	32.1–33.4	RM3133	TCAATAgACACACgggCATg	CgATTTTgCTCACTgCACAg
chr11	35.6–45.3	CH1136c	TTgCAgTCTCTgCATgTTAg	ATTCATCCAAgAAAgCACAg
chr11	35.6–45.3	CH1137c	CTATTTCTTgggCTCAgTTg	CATCCTgTCCATCACTTTTT
chr11	49.1	RM536	TCTCTCCTCTTgTTTggCTC	ACACACCAACACgACCACAC
chr11	59.2–64.2	CH1138e	AgTggAgCAgAATggAAAT	CTgATgTACATggTTggTgA
chr11	59.2–64.2	CH1139e	CCTATgTggAgTTCCTTgTg	CTCAACCAgTgATCTggAgT
chr11	64.8	RM287	TTCCCTgTTAAgAgAgAAATC	gTgTATTTggTgAAAgCAAC
chr11	71.4-77.4	CH1122	ATCgTTTgCAAgAgTTgAAg	AggggTTTAgTgAgATCAT

附錄　本研究中 402 組可成功擴增之分子標誌染色體位置與序列 (續)。

Appendix Chromosomal location and sequence of 402 successfully amplified primers used in this study (continued).

Chr.	cM	Marker name	Forward	Reverse
chr11	79.1	RM21	ACAgTATTCCgTAggCACgg	gCTCCATgAgggTggTAgAg
chr11	80.2–80.5	RM1341	AACCTggAggTgCTggTCTC	TTTCTCCCCCCCAACCAC
chr11	88.4	RM206	CCCATgCgTTTAACTATTCT	CgTTCCATCgATCCgTATgg
chr11	115.1	RM224	ATCgATCgATCTTCACgAgg	TgCTATAAAAggCATTCggg
chr12	0.0–5.5	CH1216c	TTCTTCTTCTTggTCATCgT	CACAggACATCTCCgACA
chr12	0.0–5.5	CH1217c	TTCTTCTTCTTggTCATCgT	ggTgACACACTATCCAAACA
chr12	9.4–9.7	RM20	ATCTTgTCCCTgCAggTCATA	gAAACAgAggCACATTTCATTg
chr12	9.7	RM415	CTTCgATCCATCATCCATgg	ATTgCTgTACgCAgTTTCgg
chr12	10.8	RM8215	gTTCTCCCTTCATgACACAg	TAgAgACTTTATATTTggTgTgC
chr12	12.2–26.0	RM19	CAAAAACAgAgCAgATgAC	CTCAAgATggACgCCAAgA
chr12	12.2–26.0	CH1218e	CTCTCTggCgTggATATAAg	ACACCAgATTTCTgggTATg
chr12	12.2–26.0	CH1219c	TCATAACCAATAACCACTgATg	TCTTCAgTAACAggAAgCAgA
chr12	27.1	RM3472	ATCgCAAgAACTCCgTgAAg	CgCTTTTgAgCTCgCCTC
chr12	39.4	RM5746	TCgCTACgTCgACTgATTTg	ATATCATCAgTCggCAgCAg
chr12	39.7–40.6	CH1220e	CTgACgACATTCTTgTgATg	CCATTgCTgATCACTTCTg
chr12	39.7–40.6	CH1221e	AAgCCAAgATggAACTgTAA	TTgTCAAAAgTgTTgTggAA
chr12	48.2	RM101	gTgAATggTCAAgTgACTTAggTggC	ACACAACATgTTCCCTCCCATgC
chr12	58.9–61.6	RM247	TAgTgCCgATCgATgTAACg	CATATggTTTTgACAAAgCg
chr12	61.6	CH1222e	TTAAgTgTgTTgCAAAgTgC	TTTgAATgggAATAAAATgg
chr12	61.6	CH1223c	CCCAACCACCATATATATAACC	ATTTTgTTgCTgCTTAAggT
chr12	65.3	RM5195	TCTCTgTTCTTgggTTTAAC	CCgACCAATTTTATTAAgAT
chr12	65.3	RM2972	gAgCCAATATgTTgTCTTgA	gTTCAgATCATgATgCCTAC
chr12	69.6	RM519	AgAgAgCCCCTAAATTTCCg	AggTACgCTCACCTgTggAC
chr12	78.9	CH1229c	gCTTCTATCgAATACCCCTgA	TgTCATCATTCTgTAgCTTTAACCA
chr12	78.9–86.5	CH1230e	CTCACATCAgCAATGCgACT	TgTACCTTggAggCTggTTC
chr12	78.9–86.5	CH1231e	TTTgCACCTTTCACTgAggA	TgAggCAggAgAgTTgATgA
chr12	91.3	RM270	ggCCgTTggTTCTAAAATC	TgCgCAgTATCATCggCgAg
chr12	95.1–95.4	RM5479	TgATgCCTCCTAAgCTCACC	ACTTCTCCCCTCTCTgCTCC
chr12	97	RM3739	AgTTgCgCAgCTAATCgATC	AAgATCCAACgggTTCTgTg
chr12	97	RM6386	gTTCTCgAgCTCCACgTAgg	CTCCACCTCCATCTCCgTC
chr12	103.1	RM235	AgAAgCTAgggCTAACgAAC	TCACCTggTCAgCCTCTTTC
chr12	107.4	RM17	TgCCCTgTTATTTTCTTCTCTC	ggTgATCCTTTCCCATTTCA
chr12	109.2	RM2197	ACTgAgAACTTTAATCATCg	gAACAACTTTgAAgAgAAAC

The Development and Application of Molecular Markers of Wild Rice

Yann-Rong Lin[1], Hsiang-Ting Chien[2], Han-Shiuan Chin[2], Hung-Ying Lin[2], Hsing-Mu Yen[3], Woei-Shyuan Jwo[3], Dong-Hong Wu[3], Ming-Hsing Lai[4], and Charng-Pei Li[3,*]

Abstract

Lin, Y. R., H. T. Chien, H. S. Chin, H. Y. Lin, H. M. Yen, W. S. Jwo, D. H. Wu, M. H. Lai, and C. P. Li. 2015. The development and application of molecular markers of wild rice. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):253–278.

Wild rice has high genetic diversity and high tolerance to extreme environments. If genomes of wild rice can be applied into modern rice breeding programs by marker-assisted selection, newly bred cultivars can endure mercurial climate and meet sharply increased demands of food in the world. The goal for this research is to introgress genes/chromosome segments of *Oryza officinalis* with CC genome and *Oryza australiensis* with EE genome into *Oryza sativa* ssp. *indica* cv. 'TCS10' and ssp. *japonica* cv. 'TNG67' with AA genome, respectively. Currently, polymorphic markers were surveyed and developed. A total of 249 SSR (simple sequences repeat) had been applied but only 100 (40%) and 67 (27%) of markers could be amplified successfully in *O. officinalis* and *O. australiensis*, respectively. Among polymorphic SSR markers, 72 (72%) and 71 (71%) of markers were polymorphic between *O. officinalis* vs. 'TCS10' and 'TNG67', respectively; 57 (76%) and 53 (79%) of markers were polymorphic between *O. australiensis* vs. 'TCS10' and *O. australiensis* vs. 'TNG67', respectively. To effectively obtain polymorphic markers, the BES (BAC end sequence) of wild and the genome sequence of ssp. *japonica* cv. 'Nipponbare' were aligned to search for indel markers flanking with conserved sequences. A total of 123 markers had been developed, and 109 (89%) and 103 (84%) markers could be amplified successfully in *O. officinalis* and *O. australiensis*, respectively. Among which, 79 (72%) and 82 (75%) of markers were polymorphic between *O. officinalis* vs. 'TCS10' and 'TNG67', respectively; 64 (62%) and 65 (63%) of markers were polymorphic between *O. australiensis* vs. 'TCS10' and *O. australiensis* vs. 'TNG67', respectively. From genotypes of BC_1F_1 and BC_2F_1 populations derived from *O. officinalis* × 'TNG67', the ratio of heterozygotes was 86.7% (BC_1F_1) and abruptly decreased to 18.1% (BC_2F_1). It indicated that the chromosome segments of wild rice were excluded rapidly in backcrossed progenies, implying that it is very difficult to develop a complete chromosome segment substitute line (CSSL) population, which carried the chromosome segment from different genome of wild species into *O. sativa* background.

Key words: Molecular marker, Transferability, Rice, Wild rice.

Received: January 15, 2015; Accepted: March 29, 2015.
[*] Corresponding author, e-mail: charngpei@tari.gov.tw
[1] Associate Professor, Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.
[2] Graduate students, Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.
[3] Assistant Research Fellows, Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
[4] Associate Research Fellow, Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):279–289 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.03

研究報告

園藝作物野生近緣種地理資訊系統之建置與應用展望

張淑芬[1,*] 邱輝龍[2] 邱文良[3] 陳建文[4]

摘要

張淑芬、邱輝龍、邱文良、陳建文。2015。園藝作物野生近緣種地理資訊系統之建置與應用展望。台灣農業研究 64(4):279–289。

本研究目的旨在建立台灣的園藝作物野生近緣種地理資訊系統，係針對園藝作物野生近緣種提供地理資訊及特性資料查詢。系統架構利用 WebGIS 軟體開發，建構地理資料數據庫，以及物種影像與基本特性資料，累計建置 44 科 200 種園藝作物野生近緣種的物種數位資料與地理分布資訊，方便研究人員、農民和民眾對園藝作物野生近緣種的查詢及利用，也期望本系統的建置能有助於台灣園藝作物遺傳資源之保育與永續利用。

關鍵詞：園藝作物野生近緣種、遺傳資源、地理資訊系統。

前言

台灣面積約 36,000 km^2，位於北回歸線上，由於地層板塊運動，使台灣具有高山、丘陵、平原、盆地、島嶼、縱谷及海岸等，且有熱帶、亞熱帶、溫帶、寒帶不同的氣候類型。因此，擁有多樣化的植物種原，僅維管束植物即有 4,000 多種 (Kuo 1997)。豐富的農用植物遺傳資源 (plant genetic resources for food and agriculture; PGRFA) 在全球食物安全與經濟發展上扮演重要的角色，是作物品種改良的原動力與農業永續經營的基礎，其中作物野生近緣種 (crop wild relatives; CWR) 泛指栽培作物的原種或遺傳關係較近的野生種 ，經過長期的演化產生大量遺傳變異，具有良好的風土適應性，同時也是抗病、抗蟲、耐環境逆境及重要經濟性狀的來源 (Maxted & Kell 2009)。作物野生近緣種可做為特殊需求的育種材料，應用於傳統育種、生物科技的基因轉殖、細胞融合等技術，讓作物野生近緣種的利用性提高，例如小麥育成抗條紋嵌紋病毒 (*Wheat streak mosaic virus*) (Fahim *et al*. 2012)、水稻培育抗草狀矮化病 (*grassy stunt virus*) (Bottrell & Schoenly 2012) 與褐飛蝨 (*Nilaparvata lugens*) (Pathak & Heinrichs 1982)、小麥育成抗捲葉蟎 (curl mite) (Malik *et al*. 2003) 與耐旱品種 (Reynolds *et al*. 2007) 及高蛋白質含量品種 (Dhanapal & Porceddu 2013)、馬鈴薯抗晚疫病 (late blight) 育種 (Danan *et al*. 2009)，在產量與品質的增加有直接的貢獻，作物野生近緣種被認為是維持全球糧食安全的重要資源 (Maxted *et al*. 2012)。

聯合國糧農組織 (Food and Agriculture Organization of the United Nations; FAO) 與國際農業研究諮詢委員會 (Consultative Group on International Agricultural Research; CGIAR) 近年來致力於農業遺傳資源的保護，其他如國際稻米研究中心 (International Rice Research Institute; IRRI)、國際玉米小麥改良中心 (International Maize and Wheat Improve-

投稿日期：2014 年 9 月 15 日；接受日期：2015 年 4 月 7 日。
[*] 通訊作者：sophie@dns.caes.gov.tw
[1] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所園藝系副研究員。台灣 嘉義市。
[2] 農委會農業試驗所作物種原組助理研究員。台灣 台中市。
[3] 農委會林業試驗所植物園組副研究員兼組長。台灣 台北市。
[4] 農委會林業試驗所植物園組聘用助理研究員。台灣 台北市。

ment Center; CIMMYT)、國際熱帶半乾旱作物研究所 (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics; ICRISAT)、國際熱帶農業研究中心 (International Center for Tropical Agriculture; CIAT)、亞洲蔬菜研究發展中心 (Asian Vegetable Research and Development Centre; AVRDC)、國際熱帶農業研究所 (International Institute of Tropical Agriculture; IITA)、國際馬鈴薯中心 (International Potato Center; CIP)、國際乾旱地區農業研究中心 (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas; ICARDA) 等不同遺傳資源保存的國際組織也被召集 (FAO 1997)，全球已有超過 150 個國家貯存多達 650 多萬份的作物遺傳資源，其中的 10% 左右即為作物野生近緣種。為解決全球需求，UNEP/GEF (United Nations Environment Programme/ Global Environment Facility) 支持啟動保護與利用作物野生近緣種計畫，結合亞美尼亞、玻利維亞、馬達加斯加、斯里蘭卡及烏茲別克 5 個國家與 IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute)、FAO、BGCI (Botanic Gardens Conservation International)、UNEP-WCMC (the United Nations Environment Programme's World Conservation Monitoring Centre) 及 IUCN (the World Conservation Union) 等國際組織進行重要作物野生近緣種的保護與利用，以改善全球糧食安全 (Thormann *et al*. 2008)。

各國與國際間進行作物野生近緣種保護工作，分為自然棲地的就地保存 (*in situ*) 與另外場所基因庫與植物園的異地保存 (*ex situ*)，保護作物野生近緣種工作的關鍵問題中包括作物野生近緣種清單與訊息系統的掌控，清單包括文書處理與實地生態地理研究，訊息來源從各部門、組織、機構、基因庫、植物標本、實地調查等，通常資訊會經由國家或地區性的數據庫，利用地理資訊系統 (geographic information system; GIS) 工具繪製地圖與進行分析 (Heywood *et al*. 2007)。面對全球氣候劇烈變遷，台灣園藝作物野生近緣種也面臨衰減與消失的困境，因此為保護台灣珍貴的作物野生近緣種資源，乃進行台灣園藝作物野生近緣種地理資訊系統的建置。

材料與方法

地理資訊系統架構

本園藝作物野生近緣種地理資訊系統的架構，係應用 WebGIS 軟體開發，採用 Microsoft SQL server 2008 資料庫軟體建置資料庫管理和分析系統，以地理資訊系統技術將園藝作物野生近緣種地理資訊與特性資料進行面化。又應用 SuperWebGIS 網際網路地圖伺服器軟體，建構包括數據庫管理與 WebGIS 的查詢系統，提供查詢物種地理資訊及物種基本特性資料的功能，並呈現物種調查資料與分布位置。

地理資訊數據庫的建立

本系統進行台灣園藝作物野生近緣種點位座標資料的蒐集與調查，作為點位座標定位之依據，地理資訊數據庫建置包括物種名稱、調查人員、調查日期、調查地點、海拔高度及經緯度等資訊，並與行政院農業委員會林業試驗所合作，進行園藝作物野生近緣種的資料介接，經由發布 TAPIR (TDWG Access Protocol for Information Retrieval) 資料，按照國際 TDWG 組織 (Taxonomic Databases Working Group) 的標準，TAPIR 連結資料庫，以 XML 的方式發布，即時介接林業試驗所資料庫的資料訊息。

物種基本資料與調查資料之查詢

為進行查詢園藝作物野生近緣種的植物形態特性與分布情形，物種查詢功能分為複合條件查詢與地圖查詢，第一種方式以複合條件查詢利用科別、關鍵字、縣市或鄉鎮、海拔高度等條件，直接查詢物種資料，另一種方式是以地圖查詢，依照縣市別查詢物種資料 (圖 1)。系統物種基本資料包括調查物種的中文名稱、英文名稱、種名、科名、屬名、中文別名、英文別名及性狀特徵全文查詢資料，以及該物種的植株特性照片。物種調查資料包括園藝作物野生近緣所在的縣市與鄉鎮地理資訊資料，調

圖 1. 園藝作物野生近緣種地理資訊系統的物種查詢頁面。

Fig. 1. The species query page of the geographic information system for the wild relatives of horticultural crops.

查日期及調查者資料，地理資訊系統將地理空間資訊以地圖顯示園藝作物野生近緣種的地理分布情形。

結果與討論

台灣園藝作物野生近緣種特性資料

作物野生近緣種扮演讓糧食充足的重要角色，在國際間非常重視作物野生近緣種資源的蒐集、保存、鑑定、評估及利用，全世界約有 25 萬至 30 萬種的維管束植物，僅有 150 餘種被大面積種植作為糧食。隨著作物種類趨向單一化致使遺傳基礎狹隘，因此為提高作物遺傳多樣性，作物野生近緣種的保護與利用變得越來越重要 (Hou & Gao 1999)。在園藝作物中花卉野生近緣種近年來的研究開發，包括種質資源調查與遺傳多樣性研究，進行野生近緣種種資源的開發利用與提供基礎訊息 (Chang & Dai 2007)。例如台灣一葉蘭 [*Pleione bulbocodioides* (Franch.) Rolfe] 為園藝作物的花卉野生近緣種 (圖 2)，係台灣特有種，為蘭科一葉蘭屬多年生球莖植物。其原生於海拔 1,500–2,500 m，已被開發利用於內外銷花卉產業，並被應用在育種上選育出梅雪、梅月、楓星、楓漫、楓悅及楓蜜等新品種 (Ting 2013)。又如新竹油菊 (毛葉甘菊) [*Dendranthema lavandulifolium* (Fisch. ex Trautv.) Y. Ling & C. Shih var. tomentellum (Hand.-Mazz.) Y. Ling & C. Shih] 生長在台灣海拔約 200 m，在中國野生植物資源名為甘菊，是菊科菊屬多年生宿根草本植物，屬於野生觀賞植物具有較好的觀賞價值。該植物具抗逆性強、適用範圍廣及管理粗放等優點，適合利用於山坡綠化、公路護坡防止水土流失及作為植栽增加景觀等，且是栽培菊花起源中參與起源且遺傳背景最為簡單的菊屬野生植物，可以為作物育種提供優良的基因資源 (Peng *et al*. 2010)。

台灣重要的園藝作物野生近緣種，包含有果樹類的落葉果樹與常綠果樹、蔬菜類、花卉類等野生近緣種 (Yan 1995)，園藝作物野生近緣種地理分布資訊系統目前建置台灣大部分的園藝作物野生近緣種資訊，完成 44 科台灣園藝作物野生近緣種特性資料建置，包括獼猴桃科、番杏科、澤瀉科、莧科、石蒜科、漆樹科、天南星科、鳳仙花科、落葵科、秋海棠科、紫草科、蓴科、石竹科、菊科、旋花科、十字花科、葫蘆科、薯蕷科、柿樹科、杜英科、芡科、金絲桃科、胡桃科、唇形科、豆科、百合科、千屈菜科、桑科、芭蕉科、楊梅科、桃金孃科、蘭科、棕櫚科、藍雪科、馬齒莧科、鳶尾科、薔薇科、芸香科、無患子科、茄科、梧桐科、

圖 2. 台灣一葉蘭的基本特性資料。

Fig. 2. The basic genetic characteristic data of *Pleione bulbocodioides* (Franch.) Rolfe.

馬鞭草科、葡萄科、薑科等園藝作物野生近緣種 (表 1)，提供基本資料以及該物種的植株特性照片資訊。台灣園藝作物野生近緣種過去雖有調查與整理，但多限於無法容納大量資訊的書籍或標本，尚未建立其完整資訊。近年來由於電腦科技與網際網路的發展，改善以往占用儲存空間甚大的圖檔資訊存取問題。例如，果樹種原數位典藏之建置，即利用種原特性資料與圖片檔案數位化建置，解決種原資訊無法普及問題，提供民眾學習教育功能，協助科學研究人員種原搜尋與比對功能，進而對種原交換與利用有所助益 (Wen *et al*. 2012)。

台灣園藝作物野生近緣種地理分布資訊

地理資訊系統 (GIS) 被應用在保護農用植物遺傳資源的野生近緣種與野生種，常被使用於避免作物及其野生近緣種育種與研究用的稀有與瀕危物種消失的就地保護工作 (Hauptvogel *et al*. 2010)。地理資訊系統是以地理空間數據庫為基礎，對空間數據進行採集、存取、編輯、處理、分析及顯示，能提供多種空間與動態的地理信息，可被應用於資源調查、環境評估與管理 (Chang & Chu 2008)。地理資訊系統與傳統資料庫不同的是多了空間的向度，可以利用統計與計量方法進行空間分析，被作

表 1. 園藝作物野生近緣種地理資訊系統的物種。

Table. The species of the geographic information system for the horticultural crop wild relatives.

No.	Family	Scientific name of the species	Quantity
1	Actinidiaceae	*Actinidia callosa* Lindl., *Actinidia chinensis* Planch. var. *setosa* Li, *Actinidia latifolia* (Gardn. et Champ.) Merr.	3
2	Aizoaceae	*Tetragonia tetragonoides* (Pall.) Kuntze	1
3	Alismataceae	*Sagittaria guayanensis* Kunth *subsp. lappula* (D. Don) Bogin, *Sagittaria pygmea* Miq., *Sagittaria trifolia* L.	3
4	Amaranthaceae	*Amaranthus lividus* L., *Amaranthus patulus* Bertoloni, *Amaranthus spinosus* L., *Amaranthus viridis* L., *Celosia argentea* L, *Celosia taitoensis* Hayata., *Gomphrena celosioides* Mart.	7
5	Amaryllidaceae	*Lycoris aurea* Herb.	1
6	Anacardiaceae	*Pistacia chinensis* Bunge	1
7	Araceae	*Colocasia formosana* Hayata, *Schismatoglottis kotoensis* (Hayata) T. C. Huang, J. L. Hsiao et H. Y. Yeh	2
8	Balsaminaceae	*Impatiens devolii* Huang, *Impatiens tayemonii* Hayata, *Impatiens uniflora* Hayata	3
9	Basellaceae	*Basella alba* L.	1
10	Begoniaceae	*Begonia aptera* Blume, *Begonia austrotaiwanensis* Chen et Peng, *Begonia buimontana* Yamamoto, *Begonia chitoensis* Liu et Lai, *Begonia formosana* (Hayata) Masamune, *Begonia laciniata* Roxb., *Begonia fenicis* Merr., *Begonia lukuana* Liu et Ou, *Begonia nantoensis* Lai et Chung, *Begonia ravenii* Peng et Chen, *Begonia taiwaniana* Hayata, *Begonia tengchiana* Cheng et Pen, *Begonia wutaiana* C. I Peng et Y. K. Chen	13
11	Boraginaceae	*Cordia cumingana* Vidal, *Cordia dichotoma* G. Forst.	2
12	Cabombaceae	*Brasenia schreberi* Gmel.	1
13	Caryophyllaceae	*Dianthus palinensis* S. S. Ying, *Dianthus pygmaeus* Hayata, *Dianthus superbus* L. var. *longicalycinus* (Maxim.) Will., *Dianthus superbus* L. var. *taiwanensis* (Masamune) Liu	4
14	Compositae	*Dendranthema arisanense* (Hayata) Y. Ling et C. Shih, *Dendranthema indicum* (L.) Des Moul., *Dendranthema lavandulifolium* (Fisch. ex Trautv.) Y. Ling et C. Shih var. *tomentellum* (Hand.-Mazz.) Y. Ling et C. Shih, *Dendranthema morii* (Hayata) Kitam., *Leucanthemum vulgare* H. J. Lam., *Pterocypsela formosana* (Maxim.) C. Shih, *Pterocypsela indica* (L.) C. Shih, *Paraprenanthes sororia* (Miq.) C. Shih	8
15	Convolvulaceae	*Ipomoea alba* L., *Ipomoea aquatica* Forsk., *Ipomoea batatas* (L.) Lam., *Ipomoea biflora* (L.) Persoon, *Ipomoea cairica* (L.) Sweet, *Ipomoea hederacea* (L.) Jacq., *Ipomoea imperati* (Vahl) Griseb., *Ipomoea indica* (Burm. f.) Merr., *Ipomoea littoralis* Blume, *Ipomoea mauritiana* Jacq., *Ipomoea obscura* (L.) Ker-Gawl., *Ipomoea pes-caprae* (L.) R. Br. subsp. brasiliensis (L.) Ooststr., *Ipomoea pes-tigridis* L., *Ipomoea polymorpha* Roem.et Schult., *Ipomoea quamoclit* L., *Ipomoea triloba* L., *Ipomoea violacea* L.	17
16	Cruciferae	*Raphanus sativus* L. f. raphanistroides Makino	1
17	Cucurbitaceae	*Momordica charantia* L., *Momordica cochinchinensis* (Lour.) Spreng.	2
18	Dioscoreaceae	*Dioscorea alata* L., *Dioscorea benthamii* Prain et Burkill, *Dioscorea bulbifera* L., *Dioscorea collettii* Hook. f., *Dioscorea esculenta* (Lour.) Burkill var. spinosa R. Knuth, *Dioscorea japonica* Thunb. var. *japonica*, *Dioscorea matsudae* Hayata, *Dioscorea opposita* Thunb.	8
19	Ebenaceae	*Diospyros eriantha* Champ. ex Benth., *Diospyros japonica* Sieb. et Zucc., *Diospyros kotoensis* Yamazaki, *Diospyros ferrea* (Willd.) Bakhuizen, *Diospyros maritima* Blume, *Diospyros morrisiana* Hance, *Diospyros oldhamii* Maxim., *Diospyros philippensis* (Desr.) Gurke, *Diospyros rhombifolia* Hemsl., *Diospyros vaccinioides* Lindl.	10
20	Elaeocarpaceae	*Elaeocarpus argenteus* Merr., *Elaeocarpus japonicus* Sieb. et Zucc., *Elaeocarpus multiflorus* (Turcz.) F. Vill., *Elaeocarpus sphaericus* (Gaertn.) Schumann var. *hayatae* (Kanehira et Sasaki) Chang, *Elaeocarpus sylvestris* (Lour.) Poir. var. *sylvestris*	5
21	Guttiferae	*Garcinia linii* C. E. Chang, *Garcinia multiflora* Champ., *Garcinia subelliptica* Merrill	3
22	Juglandaceae	*Juglans cathayensis* Dode	1
23	Labiatae	*Coleus formosanus* Hayata, *Coleus scutellarioides* (L.) Benth.	2

表 1. 園藝作物野生近緣種地理資訊系統的物種 (續)。

Table 1. The species of the geographic information system for the horticultural crop wild relatives (continued).

No.	Family	Scientific name of the species	Quantity
24	Leguminosae	*Glycine tomentella* Hayata, *Vicia hirsuta* (L.) S. F. Gray, *Vigna luteola* (Jacq.) Benth., *Vigna marina* (Burm.) Merr., *Vicia sativa* L. ssp. nigra (L.) Ehrh., *Vigna umbellata* (Thumb.) Ohwi et Ohashi	6
25	Liliaceae	*Allium macrostemon* Bunge, *Allium thunbergii* G. Don, *Asparagus cochinchinensis* (Lour.) Merr., *Lilium formosanum* Wallace, *Lilium longiflorum* Thumb. var. *scabrum* Masam., *Lilium speciosum* Thunb. var. *gloriosoides* Baker	6
26	Lythraceae	*Trapa bispinosa* Roxb. var. *iinumai* Nakano, *Trapa natans* L. var. *japonica* Nakai, *Trapa taiwanensis* Nakai	3
27	Moraceae	*Artocarpus incisa* (Thunb.) L. f., *Artocarpus xanthocarpus* Merr., *Morus australis* Poir.	3
28	Musaceae	*Musa formosana* basjoo var. *formosana* (Warb.) S. S. Ying	1
29	Myricaceae	*Myrica adenophora* Hance, *Myrica rubra* (Lour.) Sieb. et Zucc.	2
30	Myrtaceae	*Syzygium buxifolium* Hook. et Arn., *Syzygium densinervium* Merr. var. *insulare* Chang, *Syzygium euphlebium* (Hayata) Mori, *Syzygium formosanum* (Hayata) Mori, *Syzygium kusukusense* (Hayata) Mori, *Syzygium paucivenium* (Robins.) Merr., *Syzygium simile* (Merr.) Merr., *Syzygium taiwanicum* Chang et Miau, *Syzygium tripinnatum* (Blanco) Merr.	9
31	Nymphaeaceae	*Euryale ferox* Salisb.	1
32	Orchidaceae	*Phalaenopsis aphrodite* Rchb. f., *Pleione bulbocodioides* (Franch.) Rolfe	2
33	Palmae	*Phoenix hanceana* Naud.	1
24	Plumbaginaceae	*Limonium sinense* (Girard) Kuntze, *Limonium wrightii* (Hance) Kuntze	2
35	Portulacaceae	*Portulaca oleracea* L., *Portulaca pilosa* L., *Portulaca quadrifida* L.	3
36	Ridaceae	*Iris formosana* Ohwi	1
37	Rosaceae	*Eriobotrya deflexa f. koshunensis* (Kanehira et Sasaki) Li, *Eriobotrya deflexa* (Hemsl.) Nakai f. buisanensis (Hayata) Nakai, *Eriobotrya deflexa* (Hemsl.) Nakai *f. deflexa.*, *Fragaria hayatai* Makino, *Malus doumeri* (Bois.) Chev., *Malus hupehensis* (Pamp.) Rehder, *Prunus buergeriana* Miq., *Prunus campanulata* Maxim., *Prunus grisea* (C. Muell.) Kalkm., *Prunus japonica* Thumb., *Prunus mume* (Siebold) Sieb. et Zucc., *Prunus obtusata* Koehne, *Prunus phaeosticta* (Hance) Maxim., *Prunus phaeosticta* (Hance) Maxim var. *illicifolia* Yamamoto, *Prunus pogonostyla* Maxim., *Prunus spinulosa* Sieb. et Zucc., *Prunus taiwaniana* Hayata, *Prunus transarisanensis* Hayata, *Prunus zippeliana* Miq., *Rosa bracteata* Wendl., *Rosa cymosa* Tratt., *Rosa laevigata* Michx., *Rosa luciae* Franch et Rochebr. ex Crepin, *Rosa multiflora* Thumb. ex Murray var. *formosana* Cardot, *Rosa pricei* Hayata, *Rosa sambucina* Koidz., *Rosa sericea* Lindl. var. *morrisonensis* (Hayata) Masamune, *Rosa taiwanensis* Nakai, *Rosa transmorrisonensis* Hayata	29
38	Rutaceae	*Citrus aurantium* L., *Citrus depress* Hayata, *Citrus taiwanica* Tanaka et Shimada, *Clausena anisum-olens* (Blanco) Merr., *Clausena excavata* Burm. f.	5
39	Sapindaceae	*Pometia pinnata* Forst.	1
40	Solanaceae	*Lycianthes biflora* (Lour.) Bitter, *Lycianthes lysimachioides* (Wall.) Bitter, *Solanum americanum* Miller, *Solanum capsicoides* Allioni, *Solanum diphyllum* L., *Solanum erianthum* D. Don, *Solanum macaonense* Dunal, *Solanum lasiocarpum* Dunal, *Solanum lyratum* Thunb., *Solanum luzoniense* Merr., *Solanum nigrum* L., *Solanum pittosporifolium* Hemsl., *Solanum pseudocapsicum* L., *Solanum seaforthianum* Andrews, *Solanum sisymbriifolium* Lam., *Solanum torvum* Swartz, *Solanum undatum* Lam., *Solanum violaceum* Ortega	18
41	Sterculiaceae	*Sterculia ceramica* R. Brown	1
42	Verbenaceae	*Verbena bonariensis* L., *Verbena officinalis* L.	2
43	Vitaceae	*Vitis flexuosa* Thunb. *f. flexuosa*, *Vitis kelungensis* Moriyama, *Vitis thunbergii* Sieb. et Zucc. var. *taiwaniana* Lu, *Vitis thunbergii* Sieb. et Zucc. var. *thunbergii*	4
44	Zingiberaceae	*Zingiber kawagoii* Hayata	1
Total			200

為資料展現與查詢的工具，亦能與全球定位系統 (global position system; GPS) 結合，應用野外田間調查標定的地理資料，進行植物遺傳資源的空間分布分析 (Lay & Juang 2009)。在林業上，地理資訊系統被利用作為森林調查、資源分析、森林經營管理的工具 (Tung *et al*. 2009)，近年來面對氣候變遷的影響，地理資訊系統亦被利用來整合與分析地理資料，作為保護作物野生近原種策略的依據 (Phillips *et al*. 2014)。

園藝作物野生近緣種地理資訊系統 (http://caes.gov.tw/HCWRGIS)，完成 44 科 200 種約 3,400 筆台灣園藝作物野生近緣種點位座標資料的調查與蒐集資訊，包括全台有紀錄以來大多數的園藝作物野生近緣種地理資訊，並完成台灣園藝作物野生近緣種地理分布標示點位座標資料的建置。該系統透過地理資訊系統，將地理空間資訊以地圖方式顯示物種的地理分布圖，呈現園藝作物野生近緣種的分布情形。專業人員或研究人員經由需求申請，透過地理資訊系統可以查詢園藝作物野生近緣種詳細的點位座標，利用地圖工具列的放大、縮小、平移及放置全圖等功能，應用衛星地圖或道路圖資訊找到台灣地圖上該物種所在的正確位置。例如，台灣胡桃 (野核桃) (*Juglans cathayensis* Dode) (圖 3) 屬喬木可達 25 m 高，在台灣分布於海拔 1,200–2,000 m 的森林，對照在中國伊犁的果樹近緣種資料，包括野核桃 (*Juglans regia* L.) 等野果林組成，屬喬木有 14 個種下野生類型，主要分布在鞏留縣核桃溝，則分布於海拔 1,280–1,300 m (Hou & Hsu 2006)，藉此獲得野生近緣種的地理分布資訊。

圖 3. 台灣胡桃的地理分布資訊。

Fig. 3. The geographic distribution data of *Juglans cathayensis* Dode.

園藝作物野生近緣種地理資訊系統所建立的地理資訊數據庫資料，是利用地理資訊系統進行植物地理座標的調查分析，以數位化形式收集儲存資料，有效率的提供使用者擷取資料，並且可以整合與分析衍生出使用者所需的園藝作物野生近緣種地理分布資訊。

園藝作物野生近緣種地理資訊系統的應用展望

地理資訊系統被應用作為資源分析的工具，不只侷限於地圖的製作與地理資訊查詢，也能將圖形與數據重新處理並加以分析，應用於各種目標的分析及相關信息的推測與導出。大量的圖資可從多個雲端異質資料庫來源產生，藉由空間對位套疊地理資訊系統圖形，呈現網路地圖資訊 (Lin *et al*. 2011)。應用園藝作物野生近緣種地理資訊系統的 1997–2012 年調查的小葉桑 (*Morus australis* Poir.) 野生近緣種地理資訊，配合另外的台灣溫度分布資料進行套疊分析，即呈現園藝作物野生近緣種的溫度區域數量分布圖 (圖 4)。可據以觀察到在年平均溫度 18.6–24.1℃溫度區域分布的調查族群最多，年平均最低溫 5.1℃以下與年平均最高溫 28.6℃以上的溫度區域少見有調查資料，藉此可推測其適合的就地保存環境溫度，呈現的溫度範圍也符合小葉桑在台灣中低海拔地區分布的特性，提供野生近緣種與氣候相關的生態地理分布資訊，方便進行研究分析之用。近年來全球氣候變遷的研究，因為氣候是決定森林物種分布的主要因素，許多生態氣候學研究被進行。在中國黑龍江，即應用地理資訊系統技術與氣候資訊進行分析，探討 1961–2003 年間氣候變化對生態地理區域界限及當地森林主要樹種分布的影響，提供生態環境變化研究的參考資訊 (Liu *et al*. 2007)。

因為要保護重要的作物野生近緣種資源，異地與就地保護的工作很重要。但是，對就地保存狀態的瞭解有限，因此糧食作物馬鈴薯多樣化中心的波利維亞，乃應用地理資訊系統進行分析當地特有種野生馬鈴薯多樣性的地理位置型態，並評估需要特別保護的瀕危地區以進行馬鈴薯野生近緣種資源的保護 (Cadima *et al*. 2014)。在巴勒斯坦，也利用地理資訊系統分析，進行探索、保護及利用野生作物親緣的種質資源，以及解釋物種地理分布因素的研究，預測小麥野生近緣種特別的氣候變量

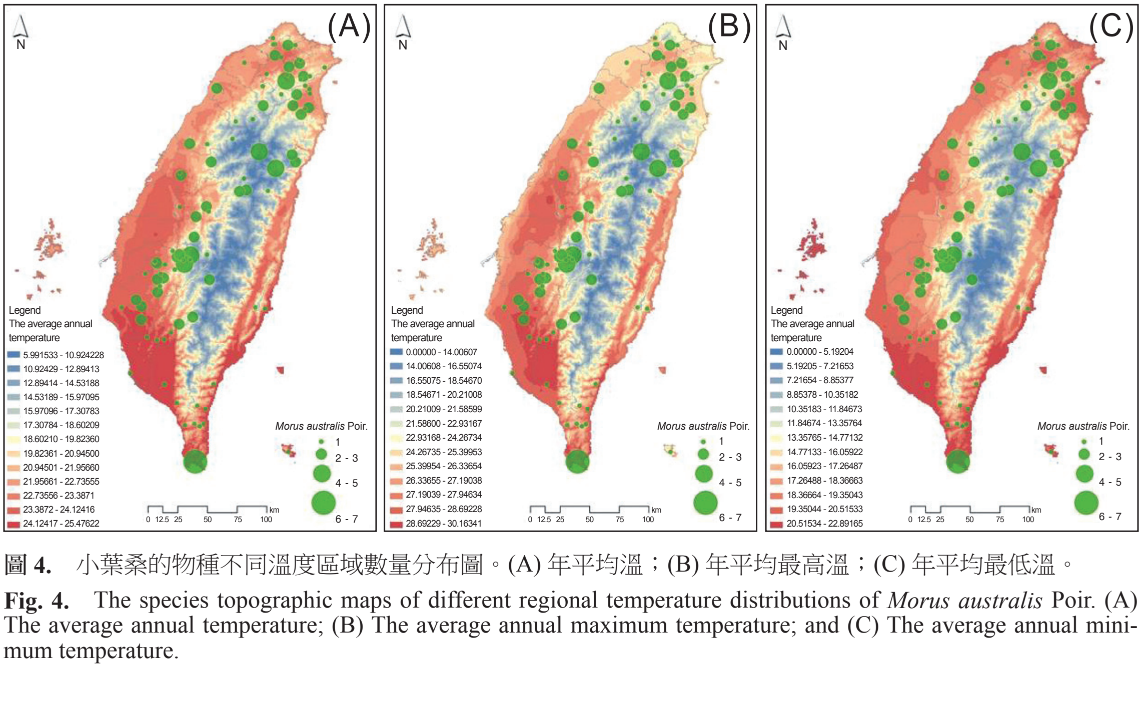

圖 4. 小葉桑的物種不同溫度區域數量分布圖。(A) 年平均溫；(B) 年平均最高溫；(C) 年平均最低溫。

Fig. 4. The species topographic maps of different regional temperature distributions of *Morus australis* Poir. (A) The average annual temperature; (B) The average annual maximum temperature; and (C) The average annual minimum temperature.

有關的主要適合潛在性保護地區 (Allahham & Hasasneh 2008)。而在美國德州南部的柑橘類栽培，則利用地理資訊系統整合柑橘、土壤調查地理資料及人口普查資料，作為評估城市發展對柑橘栽培的影響，以及應用於選擇新柑橘園區的潛在地點。這些分析出來的研究資訊，可提供給生產者、科學家及政府機構作為參考依據 (Fletcher 2009)。

生態地理訊息透過電子方式經過網際網路將更容易被取得，作物野生近緣種的訊息可以在網路上得到。例如，歐洲地中海地區是作物野生近緣種多樣性的重要中心，已運用全球資訊網 (World Wide Web) 建置作物野生近緣種資訊系統 (crop wild relative information system; CWRIS)，提供作物野生近緣種資料給植物育種者、保護區管理者、政策制定者、環保主義者、分類學家及民眾使用 (Kell *et al.* 2007)。全球定位系統提供目標的空間位置，地理資訊系統則是對不同來源的空間數據進行綜合分析與應用的平台，應用地理資訊系統的網際網路地圖伺服器軟體，能協助組織交付動態的地圖和透過全球資訊網的地理資訊系統數據，利用網際網路輸出、展示及分享空間數據。本園藝作物野生近緣種地理資訊系統的建置，應用地理資訊系統在園藝作物野生近緣種，提供物種基本特性、物種地理分布資訊及物種分布圖等訊息，可作為因應氣候變遷下作物遺傳資源調適、利用及保育依據之參考，以及協助育種與種原保存人員對於作物遺傳資源的蒐集與利用效率，期有助於園藝作物遺傳資源之保育利用與農業永續性發展。

誌謝

本研究感謝農委會資訊中心 E 化計畫經費補助，郭育麟先生、呂紀萍小姐協助資料調查，沈秀芳小姐、王如菡小姐協助資料整理，在此一併誌謝。

引用文獻

Allahham, S. and H. Hasasneh. 2008. Using GIS models to locate potential sites for wheat wild relative conservation in the Palestinian authority areas. p.195–207. *in*: Crop Wild Relative Conservation and Use. (Maxted, N., B. V. Ford-Lloyd, S. P. Kell, J. M. Iriondo, M. E. Dulloo, and J. Turok, eds.) CAB International. Wallingford. 682 pp.

Bottrell, D. G. and K. G. Schoenly. 2012. Resurrecting the ghost of green revolutions past: The brown planthopper as a recurring threat to high-yielding rice production in tropical Asia. J. Asia Pac. Entomol. 15:122–140.

Cadima, X., M. Zonneveld, X. Scheldeman, N. Castaneda, F. Patino, M. Beltran, and P. Damme. 2014. Endemic wild potato (*Solanum* spp.) biodiversity status in Bolivia: Reasons for conservation concerns. J. Nat. Conserv. 22:113–131.

Chang, F. and Y. Chu. 2008. GIS technology in forest resources management. Perspect. Sci. Technol. Achiev. 2008(6):46–47. (in Chinese)

Chang, L. J. and S. L. Dai. 2007. Study and exploration on some flowers and its wild relatives in China. J. Beijing For. Univ. 29(6):190–195. (in Chinese with English abstract)

Danan, S., J. E. Chauvin, B. Caromel, J. D. Moal, R. Pellé, and V. Lefebvre. 2009. Major-effect QTLs for stem and foliage resistance to late blight in the wild potato relatives *Solanum sparsipilum* and *S. spegazzinii* are mapped to chromosome X. Theor. Appl. Genet. 119:705–719.

Dhanapal, A. P. and E. Porceddu. 2013. Functional and evolutionary genomics of protein disulphide isomerase (PDI) gene family in wheat and its wild relatives: A review. ARRB. 3:935–958.

Fahim, M., A. Mechanicos, L. Ayala-Navarrete, S. Haber, and P. J. Larkin. 2012. Resistance to *Wheat streak mosaic virus*- A survey of resources and development of molecular markers. Plant Pathol. 61:425–440.

FAO. 1997. The State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome. 511 pp.

Fletcher, R. S. 2009. Applications of GIS to citriculture in south Texas. J. Appl. Hortic. 11:3–9.

Hauptvogel, R., R. Kuna, P. Strba, and P. Hauptvogel. 2010. GIS design for in situ conservation of rare and endangered species. Czech J. Genet. Plant 46:S50–S53.

Heywood, V., A. Casa, B. Ford-Lloyd, S. Kell, and N. Maxted. 2007. Conservation and sustainable use of crop wild relatives. Agric. Ecosyst. Environ. 121:254–255.

Hou, B. and Z. Hsu. 2006. Study on wild fruit trees and their kindred species in the Yili Valley, China. Arid Zone Res. 23:453–458. (in Chinese with English abstract)

Hou, X. Y. and W. D. Gao. 1999. Conservation and utilization of wild relatives of crops. Chin. Biodiver. 7:327–331. (in Chinese with English abstract)

Kell, S. P., S. L. Jury, H. Knüpffer, B. V. Ford-Lloyd, and N. Maxted. 2007. PGR Forum: Serving the crop wild relative user community. Bocconea 21:413–421.

Kuo, C. M. 1997. Vascular Plants of Taiwan. Vol. 1. Council of Agriculture, Executive Yuan. Taipei. 256 pp. (in Chinese)

Lay, J. G. and W. Y. Juang. 2009. Application of geographic information digital archives in senior high school geography course. J. Cartography. 19:33–48. (in Chinese with English abstract)

Lin, M. H., H. K. Chang, and C. C. Hsu 2011. Combined with cloud computing as a new generation of geographic information services. Chin. Technol. 91:92–100. (in Chinese)

Liu, D., J. Na, C. Du, and J. Zhang. 2007. Changes in ecogeographical distributions of major forestry species in Heilongjiang province during 1961–2003. Adv. Clim. Change Res. 3:100–105. (in Chinese with English abstract)

Malik, R., C. M. Smith, G. L. Brown-Guedira, T. L. Harvey, and B. S. Gill. 2003. Assessment of *Aegilops tauschii* for resistance to biotypes of wheat curl mite (Acari: Eriophyidae). J. Econ. Entomol. 96:1329–1333.

Maxted, N. and S. Kell. 2009. Establishment of a Global Network for the *In Situ* Conservation of Crop Wild Relatives: Status and Needs. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome. 266 pp.

Maxted, N., S. Kell, B. Ford-Lloyd, E. Dulloo, and A. Toledo. 2012. Toward the systematic conservation of global crop wild relative diversity. Crop Sci. 52:774–785.

Pathak, P. K. and E. A. Heinrichs. 1982. Selection of biotype populations 2 and 3 of *Nilaparvata lugens* by exposure to resistant rice varieties. Environ. Entomol. 11:85–90.

Peng, Y. H., H. Huang, and S. L. Dai. 2010. Research progress of the wild plant *Chrysanthemum lavandulifolium*. Chin. Hortic. Abstracts 2010(10):63–65. (in Chinese)

Phillips, J., A. Kyratzis, C. Christoudoulou, S. Kell, and N. Maxted. 2014. Development of a national crop wild relative conservation strategy for Cyprus. Genet. Resour. Crop Ev. 61:817–827.

Reynolds, M., F. Dreccer, and R. Trethowan. 2007. Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. J. Exp. Bot. 50:177–186.

Thormann, I., A. Lane, K. Durah, M. E. Dulloo, and S. Gaiji. 2008. Crop wild relative information: developing a tool for its management and use. p.504–512. *in*: Crop Wild Relative Conservation and Use. (Maxted, N., B. V. Ford-Lloyd, S. P. Kell, J. M. Iriondo, M. E. Dulloo, and J. Turok, eds.) CAB International. Wallingford. 682 pp.

Ting, C. L. 2013. Taiwan pleiones the cultivation and marketing profiles. Miaoli Dist. Agric. News Flash 62:14–16. (in Chinese)

Tung, Y. F., W. F. Yao, and S. H. Chu. 2009. Analysis GIS applications and prospects in forestry survey. Anhui. Agric. Sci. Bull. 15(21):173–174. (in Chinese)

Wen, I. C., S. P. Chen, C. Y. Chang, and Y. C. Hsu. 2012. Fruits Genetic digital archives of the build and future prospects. p.199–204. *in*: Taiwan Biodiversity and Geological Database Magazine. Taipei. 228 pp. (in Chinese)

Yan, X. F. 1995. A Study of Wild Species Related to Important Horticultural Crops in Taiwan. Ph.D. Thesis, Department of Horticulture and Landscape Architecture, National Taiwan University. Taipei. 474 pp. (in Chinese with English abstract)

Establishment and Application Prospect of the Geographic Information System for the Wild Relatives of Horticultural Crops

Shu-Fen Chang[1,*], Hui-Lung Chiu[2], Wen-Liang Chiou[3], and Chien-Wen Chen[4]

Abstract

Chang, S. F., H. L. Chiu, W. L. Chiou, and C. W. Chen. 2015. Establishment and application prospect of the geographic information system for the wild relatives of horticultural crops. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):279–289.

This study aims to establish an information system for the wild relatives of Taiwan's horticultural crops with geographic information system, providing an access to geographic information and characteristics data. The WebGIS software developers take advantage of the system architecture to construct geographic information databases, as well as the basic characteristics of the species images and information. Currently the system has included 200 species in 44 families of the wild relatives of horticultural crops. The geographical distribution of digital data and information can facilitate the inquiry and utilization of the wild relatives of horticultural crops for researchers, farmers and others. It is expected that this system can help to conserve and sustain the utilization of genetic resources of horticultural crops in Taiwan.

Key words: Wild relatives of horticultural crops, Genetic resources, Geographic information system.

Received: September 15, 2014; Accepted: April 7, 2015.

[*] Corresponding author, e-mail: sophie@dns.caes.gov.tw

[1] Associate Research Fellow, Department of Horticulture, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

[2] Assistant Research Fellow, Plant Germplasm Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

[3] Associate Research Fellow and Director, Botanical Garden Division, Taiwan Forestry Research Institute, Taipei, Taiwan, ROC.

[4] Contract Assistant Research Fellow, Botanical Garden Division, Taiwan Forestry Research Institute, Taipei, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):290–298 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.04 研究報告

赤帶薊馬 (*Selenothrips rubrocinctus*) 對荔枝葉片之危害與殺蟲劑藥效測試

王泰權[1] 盧慧真[2] 黃守宏[3] 張仁育[4,*]

摘要

王泰權、盧慧真、黃守宏、張仁育。2015。赤帶薊馬 (*Selenothrips rubrocinctus*) 對荔枝葉片之危害與殺蟲劑藥效測試。台灣農業研究 64(4):290–298。

赤帶薊馬為廣布於世界熱帶與亞熱帶地區的多食性害蟲，有危害可可、腰果、芒果、酪梨、番石榴等多種果樹紀錄，本研究則為首次於台灣報導赤帶薊馬危害荔枝紀錄。嘉義地區於 2014 年 7 月至 11 月間持續溫暖、乾燥天候環境適於赤帶薊馬大量發生，並於當年 11 月於農業試驗所嘉義農業試驗分所荔枝園觀察到「黑葉」、「糯米糍 (73-S-20)」、「台農 3 號 (玫瑰紅)」、「台農 5 號 (紅寶石)」、「台農 7 號 (早大荔)」等商業品種的葉片受赤帶薊馬危害，使葉片上表皮與中肋具青銅色斑駁狀危害食痕。赤帶薊馬喜愛取食荔枝葉片中肋附近組織，使受害區域細胞皺褶畸形甚至失去組織排列秩序。研究利用浸葉餵食法分別以 40.8% 陶斯松 EC 稀釋 1,000×、50.0% 芬殺松 EC 稀釋 1,000×、2.4% 第滅寧 SC 稀釋 1,500×、85.0% 加保利 WP 稀釋 850× 及 40.46% 加保扶 SC 稀釋 1,000× 處理 24 h 後，均能使赤帶薊馬若蟲及成蟲死亡率達到 100%。因此，依荔枝果園慣行病蟲害管理與枝梢養護，應可避免赤帶薊馬造成嚴重危害。

關鍵詞：薊馬、赤帶薊馬、荔枝、殺蟲劑、毒效。

前言

荔枝 (*Litchi chinensis*) 是台灣栽培面積逾 10,000 ha 的重要果樹作物之一，生產過程中著果期蟲害發生會直接影響其果實品質與產量，因此過去研究與生產者管理多著墨於防治如荔枝細蛾 (*Conopomorpha sinensis*) 等危害果實之害蟲 (Hwang & Hung 1993; Huang *et al*. 1994; Hung *et al*. 2008)。然而，荔枝枝梢與葉片生育關係到著生果實的負載能力 (Roe *et al*. 1997; Hieke *et al*. 2002; Chang & Lin 2008)，荔枝營養生長期的枝梢培育與蟲害管理益受重視。本研究自 2014 年 11 月中旬，在嘉義農業試驗分所荔枝園觀察到荔枝葉片上表皮與中肋具青銅色斑駁狀危害食痕，並有赤帶薊馬若蟲與成蟲於其上活動，推測危害食痕為該蟲種取食所致。

赤帶薊馬學名又名紅帶滑胸針薊馬或紅帶網紋薊馬，分類地位屬薊馬科 (Thripidae)、網紋薊馬亞科 (Panchaetothripinae)、赤帶薊馬屬 (*Selenothrips*)，其中若蟲體中央的腹節呈現一圈明顯的鮮紅色條帶是以名之，本屬全世界只有 1 物種 (Wang 2014)。赤帶薊馬為全球熱帶及鄰近亞熱帶地區廣布的昆蟲，其分布範圍包含台灣在內 (Commonwealth Institute of Entomology 1962; Denmark & Wolfenbarger 2013; Wang 2014)。赤帶薊馬生活史具有世代重疊的現象 (Wang 1984; Soto-Rodriguez & Retana-

投稿日期：2015 年 3 月 23 日；接受日期：2015 年 4 月 23 日。
* 通訊作者：jychang@dns.caes.gov.tw
[1] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所植物保護系助理研究員。台灣 嘉義市。
[2] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所植物保護系約僱助理。台灣 嘉義市。
[3] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所植物保護系副研究員。台灣 嘉義市。
[4] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所植園藝系助理研究員。台灣 嘉義市。

Salazar 2005)，在中國湖南的油桐 (*Vernicia fordii*) 所進行之研究，赤帶薊馬於 6 至 7 月間、平均溫度 27–29℃時，卵期約為 11 d，若蟲發育到蛹約為 7.5–12 d，19–24 d 可完成 1 世代，1 年約可完成 6–8 世代 (Wang 1984)。

赤帶薊馬會危害可可 (*Theobroma cacao*)、腰果 (*Anacardium occidentale*)、芒果 (*Mangifera indica*)、酪梨 (*Persea americana*)、番石榴 (*Psidium guajava*)、山竹 (*Garcinia mangostana*) 等多種亞熱帶或熱帶果樹的葉片或果實 (Watson 1918; Callan 1943; Sakimura & Krauss 1944; Brogdon 1955; Fennah 1963; Smith 1964; Igboekwe 1985; Dennill & Erasmus 1992; Sarwar 2006; Peña 2008; Affandi & Emida 2009)，在夏威夷、中國與巴西等地均有該害蟲為害荔枝葉片的報導 (Sakimura & Nishida 1944; Ma & Huang 1988; Sánchez-Soto & Nakano 2004; Reitz *et al*. 2011)。台灣亦曾於龍眼 (*Dimocarpus longana*) 害蟲調查中有赤帶薊馬危害葉片紀錄 (Wen *et al*. 2002)，但尚未有關赤帶薊馬危害荔枝與防治相關報告。本研究調查赤帶薊馬於荔枝葉片上分布與取食偏好等危害特性、以掃描式電子顯微鏡觀察受害組織結構變化，並利用已登記用於防治荔枝上害蟲之防治藥劑來探討其對本害蟲殺蟲效果測試，提供赤帶薊馬於台灣荔枝上防治資訊。

材料與方法

赤帶薊馬田間危害調查與蟲源取得

本研究始自 2014 年 11 月間，於農業試驗所嘉義農業試驗分所荔枝園區 (23°29’ N, 120°28’ E, elevation of 70 m)，因當年秋季施以強剪矮化植株時觀察到赤帶薊馬危害及其蹤跡，遂調查鄰近園區商業荔枝品種是否易受薊馬危害、紀錄被害荔枝品種。將受薊馬危害葉片攜回觀察、拍照，並以吸蟲管收集薊馬成蟲約 50 隻後，放入以養蟲套袋 (L: 100 cm, W: 60 cm, 100 mesh; MegaView Science, Taichung, Taiwan) 隔離之一年生健康荔枝實生苗木盆栽，使其取食苗木葉片、確認其取食後所造成之徵狀與田間觀察相符。後續亦直接於該區捕捉收集薊馬作為藥劑試驗所用蟲源。

赤帶薊馬於葉片分布與取食偏好調查

為瞭解赤帶薊馬於荔枝葉片分布是否與葉片成熟程度有關，試驗調查於相同園區選取受害明顯且尚有新梢發育的 3 株荔枝，以 Minolta SPAD 502 葉綠素計 (Spectrum Technologies, Illinois, USA) 測得讀值分作 < 20、20–30、30–40、> 40 等 4 等級，每株逢機調查有赤帶薊馬出沒的各級葉片 10 片並記錄薊馬的數量。另為瞭解赤帶薊馬於葉片上取食位置是否有其偏好，遂自各株逢機取下 10 片有危害食痕的成熟葉視為危害結果，依軸線分成近軸 (basal)、中心 (central)、遠端 (distal) 3 等分，依葉身裏、外分成中肋側與葉緣側 6 小區，調查受害葉平均於葉片 6 小區與中肋受害比率。

荔枝被害葉片超微構造觀察

試驗材料取自經人工隔離餵食受赤帶薊馬危害的荔枝實生苗木葉片，以 TM-1000 桌上型掃描式電子顯微鏡 (Hitachi, Tokeyo, Japan) 觀察健康葉片與受害葉片上表皮與縱切 (cross section) 超微構造。上表皮樣本取自尚呈紅色之嫩葉，而縱切樣本則取自已呈新綠色但未成熟葉片、以兩片雙面刀夾縫 (W: 0.1 mm) 劃取葉片組織而得。

殺蟲劑對赤帶薊馬毒效試驗

本試驗參考 Chiu *et al*. (2010) 以浸葉餵食法檢測殺蟲劑對小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis Hood*) 殺蟲劑毒效方式進行，供試藥劑包括 40.8% 陶斯松 (chlorpyrifos) EC (雅飛有限公司) 稀釋 1,000×、50.0% 芬殺松 (fenthion) EC (興農股份有限公司) 稀釋 1,000×、2.4% 第滅寧 (deltamethrin) SC (台灣拜耳股份有限公司) 稀釋 1,500×、85.0% 加保利 (carbaryl) WP (日農科技股份有限公司) 稀釋 850× 及 40.46% 加保扶 (carbofuran) SC (臺益工業股份有限公司) 稀釋 1,000× 作為供試藥劑，以二次蒸餾水作為對照組。供試葉片採自「黑葉」荔枝種子直播之實生苗木，以切割器切出圓形葉片，若蟲藥劑試驗選用直徑 2 cm 葉片圓片，成蟲藥

劑試驗選用直徑 2.5 cm 葉片圓片。將荔枝葉片浸入藥劑 10 s 後，取出置於室內風乾 1 h，以毛筆挑選若蟲 19–22 隻為 1 組、成蟲 15 隻為 1 組放入玻璃管中，每試驗處理皆 3 重複，玻璃管口以石臘膜封口打洞後置於恆溫生長箱中 (28℃ , RH: 80–90%, photoperiod : 12D : 12L)。於處理後 6 h 與 24 h 觀察薊馬死亡率，死亡率判定標準參考 Martin *et al*. (2003) 試驗方法，以薊馬失去行動能力視為為死亡，並採用 Abbott (1925) 公式校正死亡率。

氣象資料蒐集與統計分析

嘉義地區氣象資料收集自中央氣象局官方網站 (http://www.cwb.gov.tw)，擷取 1981–2010 年嘉義氣象站平均每月溫度與月降雨量與 2014 年氣候資料比較研究，並以 Microsoft Office Excel 程式 (Microsoft, Washington, USA) 繪製折線與長條圖。本研究中赤帶薊馬於葉片分布與取食習性調查殺蟲劑與對赤帶薊馬毒效試驗資料，以 SAS 統計軟體 (SAS Institute Inc., North Carolina, USA) 進行變方分析 (analysis of variance) 及最小顯著差異法 (the least significant difference; LSD) ($\alpha = 0.05$) 比較蟲害於葉片成熟度、葉面位置分布及殺蟲劑毒效試差異。

結果

赤帶薊馬危害荔枝種類及葉片受害徵狀

田間檢視園區「黑葉」、「糯米糍 (73-S-20)」、「台農 3 號 (玫瑰紅)」、「台農 5 號 (紅寶石)」、「台農 7 號 (早大荔)」等商業品種，嫩葉或成熟葉均有赤帶薊馬活動或其危害痕跡 (圖 1A、1B)，赤帶薊馬若蟲有群聚取食情形，並會產生黃褐色蜜露 (honeydew) 使葉面布滿黑褐色分泌物 (圖 1B)。受害葉片可觀察到葉片上表皮與中肋周邊出現缺綠或青銅色斑駁區塊 (圖 1C、1D)，實驗室內人為飼育赤帶薊馬於隔離之健康荔枝苗木，亦可觀察到葉片呈現相同異常徵狀 (圖 1E)。由赤帶薊馬於

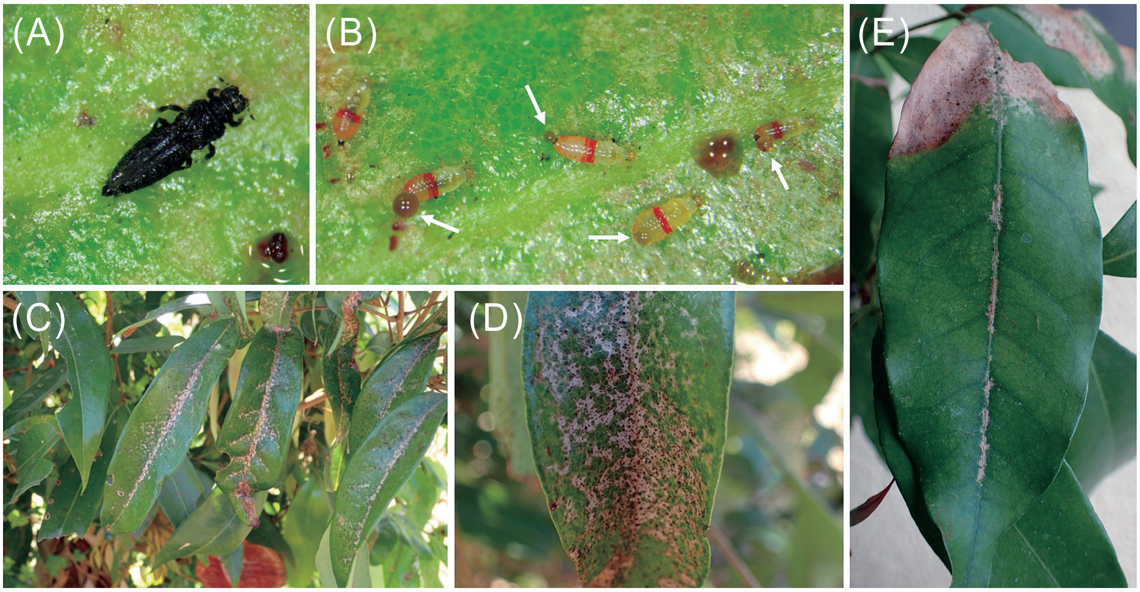

圖 1.　荔枝葉片上之赤帶薊馬成蟲 (A)；群聚取食並產生蜜露 (箭頭所指處) 的若蟲 (B)；受赤帶薊馬危害的荔枝成熟葉片表面與中肋，可見青銅色斑駁狀與黑點狀黴斑 (C, D)；以人工隔離餵飼赤帶薊馬之荔枝實生苗葉片亦出現相似徵狀 (E)。

Fig. 1.　The red banded thrips adult (A) and aggregated larva (B) secreting honeydew (indicated by arrows) on litchi leaves. Bronzing and patching necrosis and black mold spots were observed on the upper surface and mid-rib of leaves damaged by thrips (C, D). Similar symptoms were also appeared on the leaves of isolated litchi seedlings that infested by red banded thrips (E).

葉片分布與取食習性調查結果顯示，4 種成熟度分級的帶蟲葉片，平均每葉上赤帶薊馬成蟲數為 1.9–3.1 隻，並無顯著差異。另在取樣調查之受害成熟葉中，全數中肋均可見蟲害痕跡，葉身各小區域則零星散布蟲害痕跡，受害率在 28–53% 間，彼此亦無顯著差異 (圖 2)。自掃描式電子顯微鏡下俯視觀察健康荔枝嫩葉上表皮，上表皮細胞輪廓鮮明、排列整齊 (圖 3A)，而受害葉片細胞皺摺畸形、輪廓模糊，且變形、隆起處可見散布的黑色小點 (圖 3B)。縱剖健康荔枝葉片亦可見的上表皮細胞與 1 至 2 層葉肉柵狀組織整齊排列 (圖 3C)，受赤帶薊馬危害葉片則有上表皮變形、偶有交疊且柵狀組織排列失序等異常徵狀 (圖 3D)。

殺蟲劑與對赤帶薊馬毒殺效果

以浸葉餵食法所測試 5 種殺蟲劑對赤帶薊馬均有毒殺效果 (表 1)。若蟲處理後 6 h 校正死亡率以 40.8% 陶斯松 EC 稀釋 1,000×、50.0% 芬殺松 EC 稀釋 1,000× 及 40.46% 加保扶 SC 稀釋 1,000× 效果最佳，達 98.0% 以上；2.4% 第滅寧 SC 稀釋 1,500× 及 85.0% 加保利 WP 稀釋 850× 次之，若蟲死亡率約達 81.1–81.6%。成蟲處理後 6 h 校正死亡率除 2.4% 第滅寧 SC 稀釋 1,500× 處理校正死亡率為 68.9% 外，餘 4 種殺蟲劑處理下成蟲死亡率皆為 100.0%。在藥劑分組處理後 24 h 後，若蟲與成蟲於對照組平均死亡率分別為 6.5% 與 11.1%，分別受 5 種殺蟲劑之赤帶薊馬若蟲與成蟲則全數死亡。

氣象環境

自中央氣象局嘉義氣象站氣候資料顯示 (圖 4)，2014 年 3 月至 11 月間嘉義地區月平均溫度較 1981 年至 2010 年 30 年月平均溫度高，9 月至 11 月的月均溫高出往年高出 1.1℃，呈現偏暖氣候。2014 自 7 月至 11 月間則僅 2 個颱風侵台，嘉義地區當期總雨量較 1981 年至 2010 年 30 年同期減少 44.3% (約 450 mm)，9 月下旬至 11 月上旬 50 日內無單日降雨量逾 0.1 mm 紀錄，呈現乾燥氣候。

討論

赤帶薊馬為多食性害蟲，本研究首次描述台灣赤帶薊馬危害荔枝情形。研究中自田間捕捉赤帶薊馬至實驗室中隔離荔枝苗木飼育，使苗木葉片出現同如田間觀察到的受害徵狀 (圖 1E)，驗證田間受害徵狀係赤帶薊馬所致。觀察荔枝園區栽植商業品種均有赤帶薊馬活動痕

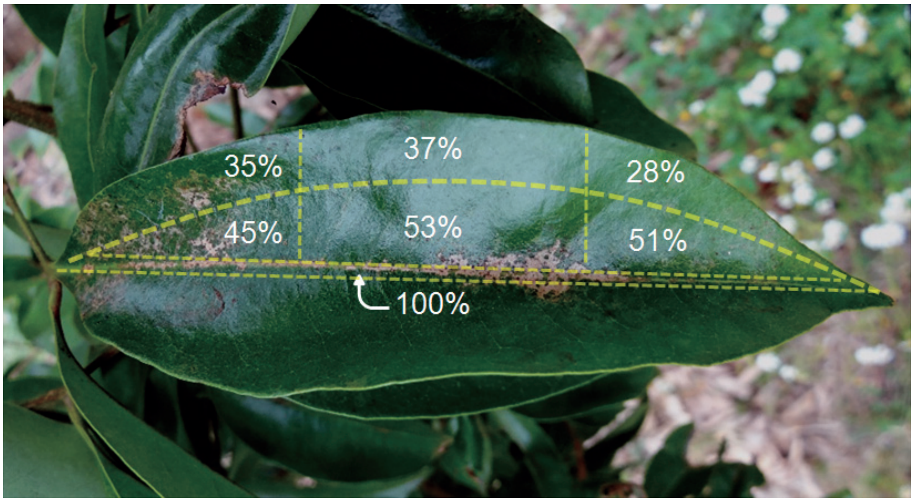

圖 2. 本研究調查赤帶薊馬於受害荔枝葉中肋與各小區危害率，葉面危害率分別標示於圖中所屬區域。

Fig. 2. Feeding preference of red banded thrips on litchi leaves in this study. Infestation rates on the upper surface of litchi leaves were labeled in each area, respectively.

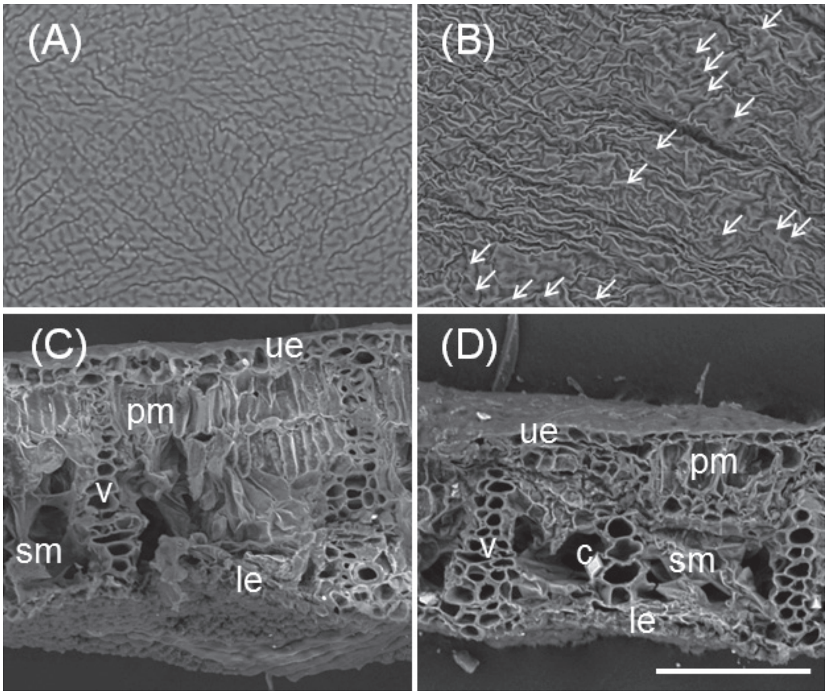

圖 3.　掃描式電子顯微鏡下健康 (A, C) 與受赤帶薊馬危害 (B, D) 荔枝葉片上表皮與縱切面組織。白色箭頭指出受危害葉片上表皮可見黑色取食孔 (B)，受害葉片可見上表皮細胞皺縮畸形 (B)、與葉肉組織排列失序 (D) 等異常現象。縮寫：ue，上表皮；pm，柵狀葉肉細胞；v，維管束；sm，海綿狀葉肉組織；c，結晶體；le，下表皮，比例尺：100 μm。

Fig. 3.　Photos of upper epidermis and cross section of health (A, C) and red banded thrips infested with litchi leaves (B, D) under the scanning electron microscope. White arrows indicated the feeding punctures on the upper surface of infested litchi leaf (B). Malformed and shrived upper epidermis of damaged leaves (B) and disorganized palisade mesophyll (D) were also observed. Abbreviations: ue, upper epidermis; pm, palisade mesophyll; v, vascular tissue; sm, spongy mesophyll; c, crystal; le, lower epidermis. Bar = 100 μm.

表 1.　赤帶薊馬之若蟲與成蟲於 5 種藥劑處理 6 h 與 24 h 後之死亡率。

Table 1.　Mortality of larva and adults of red banded thrips in 6 h and 24 h after leaf-dip assays treated with 5 insecticides.

		Larvae					Adult				
			Mortality after 6 h treatment		Mortality after 24 h treatment			Mortality after 6 h treatment		Mortality after 24 h treatment	
Chemical	Dilution factor	n	Original[z]	Adjusted[y]	Original	Adjusted	n	Original	Adjusted	Original	Adjusted
40.8% chlorpyrifos, EC	1,000	62	100.0 a[x]	100.0	100.0 a	100.0	45	100.0 a	100.0	100.0 a	100.0
50.0% fenthion, EC	1,000	60	98.3 a	98.3	100.0 a	100.0	45	100.0 a	100.0	100.0 a	100.0
2.4% deltamethrin, SC	1,500	59	81.4 b	81.1	100.0 a	100.0	45	68.9 b	68.9	100.0 a	100.0
85.0% carbaryl, WP	850	61	81.9 b	81.6	100.0 a	100.0	45	100.0 a	100.0	100.0 a	100.0
40.46% carbofuran, SC	1,000	60	98.3 a	8.3	100.0 a	100.0	45	100.0 a	100.0	100.0 a	100.0
ddH_2O, control	-	61	1.7 c	-	6.5 b	-	45	0.0 c	-	11.1 b	-

[z] Data were analyzed after arcsine transformation.
[y] The adjusted morality volumes were calculated by Abbott's formula.
[x] Mean separation within columns by the least significant difference (LSD) at $P < 0.05$.

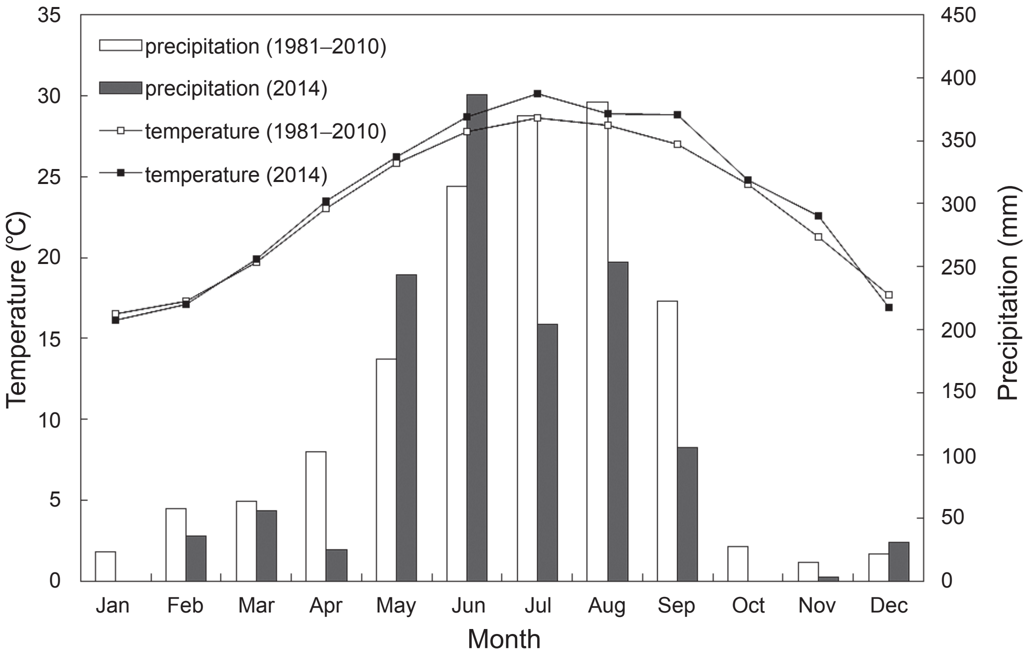

圖 4. 1981–2010 年與 2014 年嘉義地區月均溫與降雨量比較 (整理自中央氣象局網站)。

Fig. 4. Comparisons of average monthly temperature and precipitation during 1981–2010 and 2014 in Chiayi, Taiwan (data downloaded and from website of Central Weather Bureau: http://www.cwb.gov.tw).

跡，其成蟲於不同成熟度葉片分布未見明顯差異，惟田間調查期間若蟲數量已下降甚低，不足以重複相同調查。赤帶薊馬於番石榴有取食幼葉偏好 (Sarwar 2006)、於腰果則易見於甫成熟葉片 (Fennah 1963)，顯示其於葉片危害發生偏好因受害物種而異。

赤帶薊馬若蟲、前蛹與蛹具有聚集性 (Wang 1984)，Soto-Rodriguez & Retana-Salazar (2005) 以人工餵飼研究，可觀察到赤帶薊馬於哥斯大黎加番石榴 (*Psidium friedrichsthalianum*) 葉片為害主要肇因於若蟲，且若蟲有取葉片中肋習性。本研究觀察到赤帶薊馬於荔枝葉片上有偏好取食中肋情形，推測為若蟲群聚取食所致 (圖 2)。赤帶薊馬為害檬果、酪梨等作物葉片 (Brogdon 1955; Smith 1964; Peña 2008)，於檬果葉片該薊馬取食葉背 (Brogdon 1955)，使葉片出現銀色缺綠斑塊 (Peña 2008)；而赤帶薊馬取食荔枝葉片則造成葉面上危害，使葉片上表皮與中肋出現缺綠或青銅色斑駁區塊 (Sánchez-Soto & Nakano 2004) (圖 1C、1D)，並觀察到若蟲分泌蜜露使受害區域散布褐色至黑色污點。自掃描式電子顯微鏡觀察，可見受危害的荔枝葉片上表皮細胞出現畸形徵狀，並有黑色小點疑似為薊馬取食留下的穿刺孔 (圖 3B)；縱切葉片組織亦可觀察到除卻表皮細胞變形，自上表皮組織至葉肉柵狀組織亦有細胞排列失序情形 (圖 3D)，與前人描述薊馬危害葉片相似 (Wardle & Simpson 1927)。

赤帶薊馬是奈及利亞為害腰果莖、葉的重要害蟲 (Asogwa *et al*. 2008)。赤帶薊馬在腰果幼苗的族群量與其危害程度有關，當單株赤帶薊馬成蟲族群達到 240 隻時會造成苗木葉片褐化、落葉、影響枝條正常發育而危及商業生產 (Igboekwe 1985)。在印尼，山竹果實瘡痂發生程度則與赤帶薊馬與小黃薊馬族群大小有關 (Affandi & Emilda 2009)；換言之，當薊馬族群受到控制時便不易構成經濟危害。赤帶薊馬雖廣布世界多國且取食物種繁多，但其自然族群常受限於氣候環境與天敵存在 (Brogdon 1955)。

赤帶薊馬在中國是荔枝生產的重要害蟲之一 (Reitz *et al*. 2011)，研究指出春、秋兩季溫度約於 18–27℃左右，赤帶薊馬族群量則會明顯攀升，而在夏季溫度超過 28℃或是於冬季低於 15℃時則反之 (Ma & Huang 1988)。此外，溫暖、乾燥環境有利赤帶薊馬族群繁衍，低溫與降雨的天候則會限制薊馬族群發展 (Fennah 1963; Wang 1984; Affandi & Emilda 2009)。2014 年嘉義地區盛夏以來持續呈現較往年偏暖、偏乾的氣候 (圖 4)，推測因溫暖、乾燥的環境，而使赤帶薊馬得以大量發生。在未來全球氣候環境暖化趨勢下，該薊馬危害頻率可能隨之提高。

自然界中赤帶薊馬的族群亦受到草蛉 (Chrysopids)、細腰兇薊馬 (*Franklinothrips vespiformis*) 與分吸蟎 (*Bdella distincta*) 等多種天敵威脅 (Callan 1943; Muniappan *et al*. 2000)，在南非則有小花椿象 (*Orius tripoborus*) 會捕食酪梨果實上的薊馬 (Dennill 1992)。澳大利亞研究指出，捕食性天敵黃猄蟻 (*Oecophylla smaragdina*) 存在可有效控制赤帶薊馬於檬果的為害，改善檬果開花率 (Peng & Christian 2004)。

本研究以《植物保護手冊》推薦於防治荔枝細蛾的 5 種殺蟲劑，依所推薦之稀釋倍率採浸葉餵食法檢測毒殺赤帶薊馬的效果，結果顯示在處理後 24 h 所有供試藥劑均能使赤帶薊馬若蟲或成蟲死亡。顯示該赤帶薊馬對前述殺蟲劑敏感，因此依荔枝果園慣行病蟲害管理及枝梢養護，應即可避免赤帶薊馬造成嚴重危害。

誌謝

本研究承蒙行政院農業委員會 103 農科-10.2.1-農-C2(11) 計畫補助，並感謝行政院農業委員會農業試驗所應用動物組林鳳琪博士協助薊馬鑑定，董畇枋、葉育琪及李淑惠小姐協助試驗工作。

引用文獻

Abbott, W. S. 1925. A method of computing the effectiveness of an insecticide. J. Econ. Entomol. 18:265–267.

Affandi and D. Emilda. 2009. Mangosteen thrips: Collection, identification and control. J. Fruit Ornam. Plant Res. 17:219–233.

Asogwa, E. U., L. A. Hammed, and T. C. N. Ndubuaku. 2008. Integrated production and protection practices of cashew (*Anacardium occidentale*) in Nigeria. Afr. J. Biotechnol. 7:4868–4873.

Brogdon, J. E. 1955. Insects and mites of mangos and avocados. Proc. Fla. State Hort. Soc. 68:278–282.

Callan, E. McC. 1943. Natural enemies of the cacao thrips. Bull. Entomol. Res. 34:313–321.

Chang, J. C. and T. S. Lin. 2008. Fruit yield and quality as related to flushes of bearing shoots in litchi. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 132:284–289.

Chiu, Y. C., F. C. Lin, H. T. Shih, and C. L. Wang. 2010. Toxicity of insecticides to *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae) on mango. J. Taiwan Agric. Res. 59:77–85. (in Chinese with English abstract)

Commonwealth Institute of Entomology. 1962. *Selenothrips rubrocinctus* (Giard). Distribution Maps of Pests, Series A (Agricultural), Map No. 136. Commonwealth Agricultural Bureaux. London. 2 pp.

Denmark, H. A. and D. O. Wolfenbarger. 2013. Red-banded Thrips, *Selenothrips rubrocinctus* (Giard) (Insects: Thysanoptera: Thripidae). Entomology and Nematology Department, UF/IFAS Extension Pub. No. EENY-099. Gainesville. 4 pp.

Dennill, G. B. and M. J. Erasmus. 1992. Basis for a practical technique for monitoring thrips in avocado orchards. Crop Prot. 11:89–91.

Fennah, R. G. 1963. Nutritional factors associated with seasonal population increase of cacao thrips, *Selenothrips rubrocinctus* (Giard) (Thysanoptera), on cashew, *Anacardium occidentale*. Bull. Entomol. Res. 53:681–713.

Hieke, S., C. M. Menzel, V. J. Doogan, and P. Lüdders. 2002. The relationship between yield and assimilate supply in lychee (*Litchi chinensis* Sonn.). J. Hortic. Sci. Biotechol. 77:326–332.

Huang, C. C., K. S. Chang, and Y. I. Chu. 1994. Damage and population fluctuation of the litchi fruit borer, *Conopomorpha sinensis* Bradley, in Chia-Nan district, Taiwan. Plant Prot. Bull. 36:85–95.

Hung, S. C., K. Y. Ho, and C. C. Chen. 2008. Investigate of fruit damages of litchi caused by *Conopomorpha sinensis* Bradley and *Bactrocera dorsalis* (Hendel) in Chaiyi. J. Taiwan Agric. Res. 57:143–152. (in Chinese with English abstract)

Hwang, J. S. and C. C. Hung. 1993. Control of the litchi fruit borer, *Conopomorpha sinensis* Bradley, with bagging method and insecticides. Plant Prot. Bull. 35:225–238.

Igboekwe, A. D. 1985. Injury to young plant by the red-banded thrips, *Selenothrips rubrocinctus* Giard (Thysanoptera: Thripidae). Agric. Ecosyst. Env. 13:25–32.

Ma, H. and D. Huang. 1988. Observation on the damage of litchi by *Selenothrips rubrocinctus* (Giard) and its control. Entomol. Knowledge 25:217–218. (in Chinese)

Martin, N. A., P. J. Workman, and R. C. Butler. 2003. Insecticide resistance in onion thrips (*Thrips tabaci*) (Thysanoptera: Thripidae). New Zeal. J. Crop Hort. 31:99–106.

Muniappan, R., J. H. Lawrence, and T. Marler. 2000. Greenhouse and red banded thrips and two of their natural enemies on *Elaeocarpus joga* in Guam. J. Hawaiian Pacific. Agric. 11:61–63.

Peña, J. E. 2008. Tropical fruit pests and their management. p.3926–3940. *in*: Encyclopedia of Entomology. (Capinera, J. L., ed.) Springer. Dordrecht. 4346 pp.

Peng, R. K. and K. Christian. 2004. The weaver ant, *Oecophylla smaragdina* (Hymenoptera: Formicidae), an effective biological control agent of the red-banded thrips, *Selenothrips rubrocinctus* (Thysanoptera: Thripidae) in mango crops in the Northern Territory of Australia. Intl. J. Pest Manage. 50:107–114.

Reitz, R. R., Y. L. Gao, and Z. R. Lei. 2011. Thrips: Pests of concern to China and the United States. Agric. Sci. China 10:867–892.

Roe, D. J., C. M. Menzel, J. H. Oosthuizen, and V. J. Doogan. 1997. Effects of current CO_2 assimilation and stored reserves on lychee fruit growth. J. Hort. Sci. 72:397–405.

Sakimura, K. and N. L. H. Krauss. 1944. Thrips from Maui and Molokai. Proc. Haw. Ent. Soc. 6:113–122.

Sakimura, K. and T. Nishida. 1944. Thrips from Kaui. Proc. Haw. Entomol. Soc. 6:123–131.

Sánchez-Soto, S. and O. Nakano. 2004. First record of *Selenothrips rubrocinctus* (Giard) attacking lychee in Brazil. Neotrop. Entomol. 33:395–396. (in Portuguese with English abstract)

Sarwar, M. 2006. Occurrence of insect pests on guava (*Psidium guajava*) tree. Pakistan J. Zool. 38:197–200.

Smith, W. A. 1964. The red-banded thrips *Selenothrips rubrocinctus* (Giard) in Queensland (Thysanoptera: Thripidae). Aust. J. Entomol. 3:84.

Soto-Rodriguez, G. A. and A. P. Retana-Salazar. 2005. Life table distribution pattern *Selenothrips rubrocinctus* (Thripidae: Panchaetothripinae) under laboratory conditions. Rev. Biol. Trop. 53:187–190. (in Spainish with English abstract)

Wang, C. L. 2014. Genus *Selenothrips* Karny. p.184–186. *in*: Thrips of Taiwan: Biology and Taxonomy. 2nd ed. (Wang, C. L., ed.) Taiwan Agric. Res. Inst. Pub. No. 99. Taichung. 479 pp. (in Chinese)

Wang, W. 1984. Bionomics and control of *Selenothrips rubrocinctus*. Acta Entomol. Sin. 27:81–86. (in Chinese with English abstract)

Wardle, R. A. and R. Simpson. 1927. The biology of Thysanoptera with reference to the cotton plant. 3. The relation between feeding habits and plant lesions. Ann. Appl. Biol. 14:513–528.

Watson, J. R. 1918. Thysanoptera of Florida. Fla. Buggist 1:53–77.

Wen, H. C., F. M. Lu, H. H. Hao, and T. D. Liou. 2002. Insects pests and their injuries and control on longan in southern Taiwan. J. Agric. Res. China. 51:56–64. (in Chinese with English abstract)

Damage of Red Banded Thrips [*Selenothrips rubrocinctus* (Giard)] on Litchi Leaves and Efficacy Tests of Some Insecticides

Tai-Chuan Wang[1], Hui-Zhen Lu[2], Shou-Horng Huang[3], and JenYu Chang[4,*]

Abstract

Wang, T. C., H. Z. Lu, S. H. Huang, and J. Chang. 2015. Damage of red banded thrips [*Selenothrips rubrocinctus* (Giard)] on litchi leaves and efficacy tests of some insecticides. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):290–298.

Red banded thrip (*Selenothrips rubrocinctus*) is a polyphagous pest widely distributed in tropical and subtropical regions in the world. The thrip attacks various fruit trees such as cacao, cashew, mango, avocado, and guava in certain habitats. In this study, we first recorded the infestation of red banded thrips on litchi in Taiwan. We observed the damage on leaves of 'Hak Ip', 'No Mai Tsz (73-S-20)', 'Tainung No. 3 (Rose Red)', 'Tainung No. 5 (Ruby)', and 'Tainung No. 7 (Early Big)' litchis in the orchard at Chiayi Agricultural Experiment Station of Taiwan Agricultural Research Institute in November, 2014, after a warm and dry period in almost half of year. Surface of infested litchi leaves, especially nearby the midrib, showed bronzing and patched necrosis. Upper epidermis and mesophyll in damage tissues are shriveled, distorted and even disorganized. We also tested toxicity of 5 insecticides, including 40.8% chlorpyrifos EC (1,000× dilution), 50.0% fenthion EC (1,000× dilution), 2.4% deltametrin SC (1,500× dilution), 85.0% carbaryl WP (850× dilution), and 40.46% carbofuran SC (1,000× dilution) to red banded thrips in the study. All the insecticides killed 100% larva and adults of thrips within 24 h after leaf-dip assays. Our results suggest that massive occurrence of red banded thrips can be avoided under conventional pest management.

Key words: Thrips, *Selenothrips rubrocinctus*, Litchi, Insecticides, Toxicity.

Received: March 23, 2015; Accepted: April 23, 2015.

* Corresponding author, e-mail: jychang@dns.caes.gov.tw

1 Assistant Research Fellow, Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

2 Contract Assistant Research Fellow, Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

3 Associate Research Fellow, Department of Plant Protection, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

4 Assistant Research Fellow, Department of Horticulture, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):299–316 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.05

研究報告

運用分子標幟輔助選拔提升香米品系「嘉農育 911303」之耐旱性

郭介煒[1] 林昆鴻[2] 吳永培[3] 林彥蓉[4] 徐仁浩[2] 許育嘉[5,*]

摘要

郭介煒、林昆鴻、吳永培、林彥蓉、徐仁浩、許育嘉。2015。運用分子標幟輔助選拔提升香米品系「嘉農育 911303」之耐旱性。台灣農業研究 64(4):299–316。

本研究以秈型稻耐旱品種「旱育 15 號」(‘Hang-yu 15’; ‘HY15’) 為貢獻親，稉型稻香米品系「嘉農育 911303」(‘CNY911303’) 為輪迴親，透過回交方式將 ‘HY15’ 之耐旱性轉移至 ‘CNY911303’，於幼苗期利用 28% 聚乙二醇 6000 (Polyethylene Glycol 6000; PEG-6000) 溶液模擬缺水逆境處理，挑選耐旱的植株。並於各回交世代之 BC_xF_1 與 BC_4F_2 進行分子標幟輔助背景選拔，結果發現 BC_2F_1、BC_3F_1、BC_4F_1 及 BC_4F_2 世代回復輪迴親遺傳背景之比率分別為 74.1、87.7、95.9 及 96.6%。以 ‘HY15’、‘CNY911303’ 及 4 個 BC_4F_4 品系於三葉齡、五葉齡及七葉齡等 3 個幼苗時期，分別以 28% PEG-6000 模擬缺水之水分逆境處理，評估材料之耐旱性表現。試驗發現，4 個品系之耐旱性表現優於輪迴親 ‘CNY911303’，顯示已將 ‘HY15’ 之耐旱特性導入 ‘CNY911303’ 中，培育出高耐旱之香米新品系。進一步評估 4 個耐旱品系 (BC_4F_4) 在水分管理下的產量表現，結果發現 ‘DT73’、‘DT85’ 及 ‘DT86’ 的產量顯著高於 ‘CNY911303’，且 ‘DT73’ 的產量更高於 5,000 kg ha^{-1}。據此顯示，獲選之耐旱香米品系在缺水環境下具有栽培價值，未來有機會進一步發展成為台灣耐旱香米新品種。

關鍵詞：分子標幟輔助選拔、耐旱、水稻。

前言

水稻為全世界超過 50% 人口之主要糧食作物，隨著世界人口快速的增加，至 2050 年全球人口預計將達 92 億，面臨人口增加及耕作面積減少的壓力，提高水稻單位面積產量則為重要的研究發展趨勢，至 2025 年預計糧食須增產 50% 才能滿足日益增長的需要 (Bruinsma 2009)。近年來，農業試驗因為全球溫室效應產生劇烈之氣候變遷影響，造成降雨分布不均的程度加劇，全世界有 34% 依靠雨水灌溉之水稻田 (約 5,400 萬 ha) 亦遭受到不同程度的乾旱影響 (Maclean *et al*. 2002)，全球因缺水所造成的水稻減產約 1,800 萬 Mg (Bernier *et al*. 2008)，故耐旱新品種的育成乃成為現今水稻育種的重要課題。

具耐旱特性之植物能在缺水環境下維持其生存能力 (Levitt 1980)，不同作物、生長發育階段和乾旱逆境程度下之耐旱機制可能不同。植株處於營養生長階段，通常比生殖器官形成階段更能適應和忍受水分條件的變化，水稻在幼穗分化期至花粉母細胞減數分裂期對乾旱逆

投稿日期：2015 年 1 月 26 日；接受日期：2015 年 5 月 10 日。
* 通訊作者：oiupeppen@yahoo.com.tw
[1] 國立嘉義大學農藝學系助理教授。台灣 嘉義市。
[2] 國立嘉義大學農藝學系研究生。台灣 嘉義市。
[3] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所副研究員。台灣 嘉義市。
[4] 國立台灣大學農藝學系副教授。台灣 台北市。
[5] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所研究助理。台灣 嘉義市。

境最為敏感，缺水會導致穎花大量退化，抽穗延遲，結實率嚴重下降，進而造成產量減少 (Datta & Datta 2006)。過去因缺乏有效的篩選技術挑選耐旱之雜交後代，造成耐旱育種改良的進展緩慢 (Khush 2001; Evenson & Gollin 2003)，部分學者建議以耐旱之相關性狀，諸如根系、穗長、捲葉程度、水分利用效率和氣孔阻力等形態與生理生化性狀作為耐旱性之指標，提高耐旱作物的篩選效率 (Fukai *et al*. 1999; Price & Courtois 1999; Jongdee *et al*. 2002; Pantuwan *et al*. 2002; Toorchi *et al*. 2003)。PEG-6000 聚合物為一種滲透調節物質，可被應用到模擬缺水逆境。Chutia & Borah (2012) 利用 12 個自印度阿薩姆地區所蒐集的水稻品種為材料，以 PEG-6000 (Polyethylene Glycol 6000) 配製不同滲透潛勢的溶液 如：-0.15 bar、-0.25 bar 和 -0.56 bar 等，篩選具耐旱的品種，結果發現 Laodubi、Leserihali、Beriabhanga 和 Borah 等 4 個品種具有較佳的耐旱特性，認為這些耐旱品種不僅可作為耐旱研究的材料，也可運用到水稻育種改良上。

在邁入後基因體時代後，水稻育種家更嘗試將分子生物技術運用於傳統育種上，藉以縮短水稻育種的年限。國際水稻基因體計畫 (International Rice Genome Sequencing Project; IRGSP) 完成稉稻「日本晴」(‘Nipponbare’) 全基因體共約 389 Mb 的解序 (International Rice Genome Sequencing Project 2005)，促進了各種分子標幟的發展，隨後應用在水稻育種上，提高了育種效率和精確性 (Collard & Mackill 2008)，此即為分子標幟輔助選拔 (marker-assisted selection; MAS)。其可在不受環境干擾下準確挑選目標植株，並在全生育期進行選拔，應用於幼苗期篩選更可減少田間種植數量、人力和物力等耗費，尤其可將多基因導入或堆疊 (pyramiding) 於同一優良水稻品種中。目前水稻育種上利用分子標幟輔助育種技術的成果相當多，如：國際稻米研究所將耐淹浸 *Sub1* QTL，導入 ‘Swarna’、‘IR64’ 和 ‘Sumba Mahsuri’ 等水稻品種，除了保有品種原有的高產和優良農藝性狀外，更增加了耐淹之特性 (Neeraja *et al*. 2007)；另外，也利用 ‘Pokkali’ 和 ‘IR29’ 雜交之重組自交系族群，篩選到一個高耐鹽品系 ‘FL478’，並利用分子標幟輔助回交育種的方式，將 ‘FL478’ 之耐鹽 *saltol* 基因導入一些優良品種中 (Thomson *et al*. 2010)；尚有抗稻熱病 (Jiang *et al*. 2012)、香味 (Salgotra *et al*. 2012)、抗褐飛蝨 (Hu *et al*. 2013)、穀粒產量 (Swamy & Kumar 2013) 等及其他作物應用 MAS 進行改良種上的實例 (Collard *et al*. 2008) 等，能有效提高水稻產量品質、抗病及抗逆境的特性。

在耐旱水稻品種育成上，利用耐旱性稉型陸稻 ‘Azucena’ 與秈型陸稻 ‘Kalinga III’ 建立回交族群，利用分子標幟輔助技術將 4 個與根形態特性相關的目標片段轉移至 ‘Kalinga III’，在缺水和慣行灌溉之田間環境下，其回交後代植株根長上有顯著的提高效果 (Steele *et al*. 2006)。育成之 4 個近同源系進一步在乾旱條件下測試，結果發現穀粒產量相對於輪迴親 ‘KalingaIII’ 有明顯提高 (Steele *et al*. 2007)，最後育出 1 個高產且耐旱的水稻品種 ‘BirsaVikasDhan 111’ (Steele *et al*. 2013)。Uga *et al*. (2013) 將可控制根系統結構的 *DRO1* (*DEEPER ROOTING 1*) 基因，利用回交導入 ‘IR64’，在乾旱下回交後代之近同源系，不僅增加根系的深度，增強避旱性外，更保留高產的表現。IRRI 目前也發現了多個在乾旱逆境下可維持或提高產量的 QTL (Swamy & Kumar 2013)，例如：位在水稻第 12 對染色體的 $qDTY_{12.1}$ (Bernier *et al*. 2007)，在 21 個不同的環境下均證實具有耐旱效果，在嚴重缺水環境下，較對照品種增加 40% 產量，為具有再現性之主效 QTL (Bernier *et al*. 2009)，透過回交育種將 $qDTY_{12.1}$ 導入對缺水高度敏感品種 ‘Sabitri’ 中也顯示，在乾旱逆性下，$qDTY_{12.1}$ 在穀粒產量上能貢獻超過 45% 的累加效應 (additive effect) (Mishra *et al*. 2013)。

本試驗利用耐旱秈型稻 ‘HY15’ 為材料，透過分子標幟輔助回交育種的方式，將耐旱特性轉移至稉型香米品系 ‘CNY911303’ 中。本研究在每個世代透過 PEG-6000 溶液模擬乾旱逆境及分子標幟於水稻幼苗期進行選拔，篩選

出與 'CNY911303' 背景相同且具耐旱性之水稻，並於 BC_4F_5 世代藉由田間耐旱試驗，篩選在成株期具耐旱性之品系，培育出全生育時期均有耐旱特性之新品系。此乃因幼苗期耐旱性之控制基因，可能與成株期有別所訂定之篩選策略，此種篩選方式不僅有效率，更可保留全生育期或特定時期具耐旱潛力之植株。由本研究所建立之分子標幟輔助耐旱水稻育種之模式，未來可應用在更多優良水稻品種的耐旱改良，選育耐旱粳稻新品種，因應環境氣候變遷下缺水逆境之水稻育種、栽培及糧食生產時所需之種原。

材料與方法

回交選拔耐旱族群之建立

本試驗以「嘉農育 911303」('CNY911303') 為母本，而「旱育 15 號」('Hang-yu 15', 'HY15') 為父本進行雜交，並以 'CNY911303' 為輪迴親，建立 'CNY911303' 與 'HY15' 各個回交世代，供分子標幟輔助選拔利用。本研究室進行 'CNY911303' 的香味遺傳分析顯示，香味是顯性單一基因控制，「旱育 15 號」的耐旱性狀則屬於數量性狀。其中「旱育 15 號」為耐旱特性之貢獻親，係秈型耐旱水稻品種，由具高產潛力親本 'Qixiuzhuan' 與具耐旱特性親本 'Zhonghan 3' 進行雜交選育 (Luo 2010)。回交過程以 'CNY911303' 為輪迴親本與雜交 F_1、BC_xF_1 (父本) 進行回交，建立分子標幟輔助選種所需 BC_1F_1、BC_2F_1、BC_3F_1、BC_4F_1 及 BC_4F_2 各世代之材料 (圖 1)，各回交世代材料數目在 BC_1F_1 有 240 株、BC_2F_1 有 270 株、BC_3F_1 為 980 株、而 BC_4F_1 世代則有 184 株；各回交世代以水耕液培養至秧苗 3–4 葉齡後，經含 28% PEG-6000 之水耕液進行乾旱逆境處理，其存活植株供分子標幟輔助背景選拔利

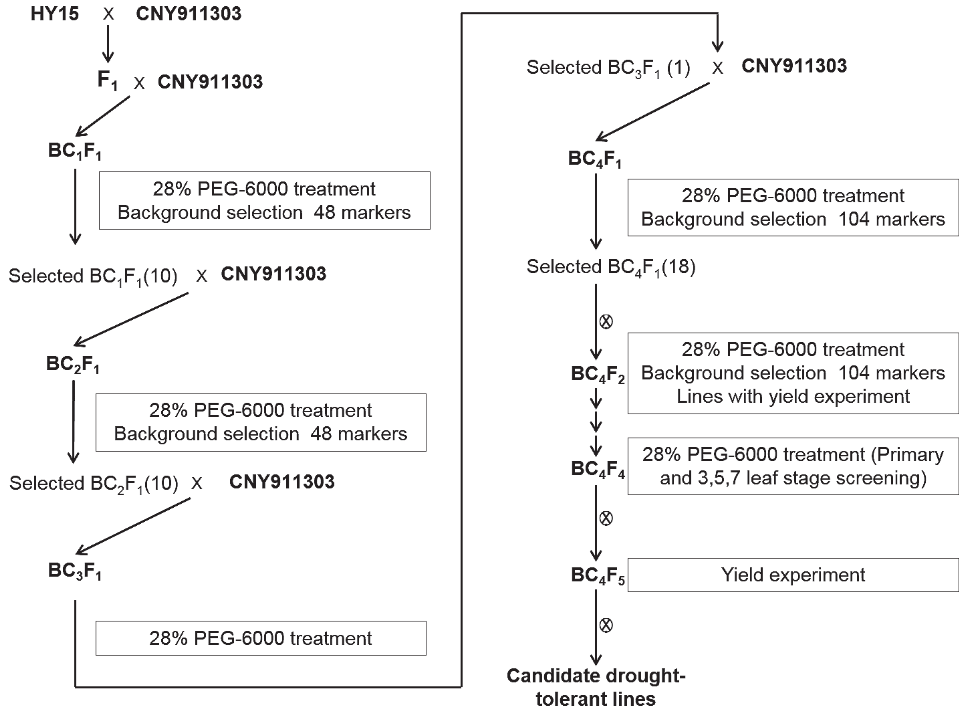

圖 1. 分子標幟輔助將「旱育 15 號」之耐旱特性轉移至 'CNY911303' 之回交育種流程，包含 28% PEG-6000 水分處理及用於背景選拔之分子標幟說明。括弧內數值為每個回交世代所挑選的植株數。

Fig. 1. The backcross breeding scheme for transfer the drought-tolerant trait of 'HY15' to 'CNY911303' by molecular marker selection, with details of the treatment of 28% PEG-6000 and markers used for background selection. The numbers of plants selected in each generation are indicated in parentheses.

用。在 BC_1F_1 共選獲有 46 株、BC_2F_1 有 22 株及 BC_3F_1 有 1 株，各世代選出之植株皆進行回交；BC_4F_1 世代則獲選 18 株之耐旱植株，經移植田間栽種，於自交後得到 BC_4F_2 種子。BC_4F_2 世代進行產量試驗後，再依譜系法繼續純化繁殖成 BC_4F_3、BC_4F_4 及 BC_4F_5 品系，而 BC_4F_5 各品系則進一步供田間缺水逆境下之產量評估試驗及不同水稻發育時期耐旱性的表現調查利用。

耐旱品系產量試驗

BC_4F_2 品系產量比較試驗：'CNY911303' 與 'HY15' 雜交組合回交之 BC_4F_1 經模擬缺水逆境處理後，存活植株即視為具耐旱性之 BC_4F_1 子代，40 個 BC_4F_1 子代自交並單株收穫得到 BC_4F_2 種子，BC_4F_2 進一步種植成 40 個品系於田間，同時並加入對照親本 'HY15' 及 'CNY911303'，編成代號 'DT69'–'DT108'，於 2013 年一期作進行，每品系種植 32 株，每 1 品系 4 行植，每行 8 株，行株距為 30 cm × 15 cm，不設重複，於成熟時各品系分別收穫調查稻穀產量表現。

BC_4F_5 品系旱田實用性之評估：2014 年二期作以 BC_4F_5 進行品系旱田實用性評估。BC_4F_5 幼苗期耐旱性之調查，以水耕液模式添加 28% PEG-6000 模擬缺水逆境處理進行，依 BC_4F_5 幼苗期耐旱性之調查結果，選出耐旱等級最佳之品系，進行小區稻穀產量之調查，試驗採用 RCBD 設計，每 1 品系 4 行植，每行 25 株，行株距為 30 cm × 15 cm，4 重複，乾旱處理方式係各品系達分蘗盛期時進行乾旱斷水，實際缺水狀態依據儀器 (Fieldscout soil sensor reader item 6465) 測量的水分潛勢讀值作為判斷依據，第一期作水分潛勢在 -30 kPa 至 -50 kPa，第二期作則是在 -50 kPa 以下，認定為旱田圃為缺水狀態，待試驗品系內一半以上植株抽穗後，且水分潛勢小於 -50 kPa 再進行 1 次灌水，直至收穫不再灌水。本試驗所有材料之培育及種植，均於農業試驗所嘉義分所水稻試驗田區進行，其田間管理按一般慣行法進行。

耐旱性之評估

水稻秧苗期模擬缺水之耐旱試驗處理與耐旱等級評估：水稻種子先以稀釋 1,000 倍的免賴得 (benomyl) 溶液於培養皿中浸種消毒 24 h，爾後每日換水並置於烘箱內以 30℃催芽，待種子皆萌芽後，移至溫室中點播於 50 cm × 60 cm 之 80 孔水耕盤進行水耕栽培，使用改良木村式 B 式水耕液配方 (Yoshida *et al*. 1976)。種子點播入水耕盤時，使用 0.5 倍水耕液，幼苗生長至一葉齡後，更換為 1 倍水耕液，三葉齡時則更換為 1.5 倍水耕液。待點播約 14 d 後幼苗平均 3–4 葉齡時，將水耕液更換成含 28% PEG-6000 之 1.5 倍水耕液，進行水稻幼苗期模擬缺水試驗。模擬缺水試驗處理後，每天進行單株調查，水稻幼苗期乾旱等級表現，調查標準引用國際水稻研究所訂定之水稻乾旱分級標準 (Standard Evaluation System for Rice) (International Rice Research Institute 1996)，依照水稻幼苗葉片捲曲及乾枯程度進行 0 (未處理)、1 (最耐旱)、3、5、7 及 9 (最不耐旱) 不同等級之判定 (圖 2)。耐旱試驗處理，是以缺水敏感型對照品種 'IR64' 的耐旱等級表現，作為 'HY15'、'CNY911303' 及回交後代的復水標準，當 'IR64' 幼苗的乾旱等級平均達 7 級，即判定當下為 'IR64' 到達臨界凋萎點，即復水後 'IR64' 植株也不會復原存活，而復水前先調查並開始記錄乾旱等級，復水則每天 1 次紀錄幼苗模擬缺水處理後之復原能力調查，藉此區別參試材料幼苗期之耐旱能力。'HY15' 與 'CNY911303' 透過 PEG-6000 篩選顯示，'HY15' 與 'CNY911303' 在葉片會呈現捲曲反應，為避旱性的特性表現，但在葉片乾枯的情形 'HY15' 較 'CNY911303' 為和緩，若在耐旱等級為 7 以上復水，'IR64' 與 'CNY911303' 的植株會持續乾枯死亡，'HY15' 則會回復生長。

耐旱品系不同發育時期耐旱性之調查：分子標幟輔助篩選並依譜系法繁殖所得之 40 個 BC_4F_4 品系，於當世代進行耐旱性篩選，每品系試驗 3 重複，依結果選出耐旱等級表現最佳的品系；並以耐旱品系 'HY15' 與敏感型 'IR64' 及 'CNY911303' 作為對照。在三葉齡、五葉齡及七葉齡等 3 個水稻不同生長階段，利用 28% PEG-6000 水耕液模擬缺水逆境進行處

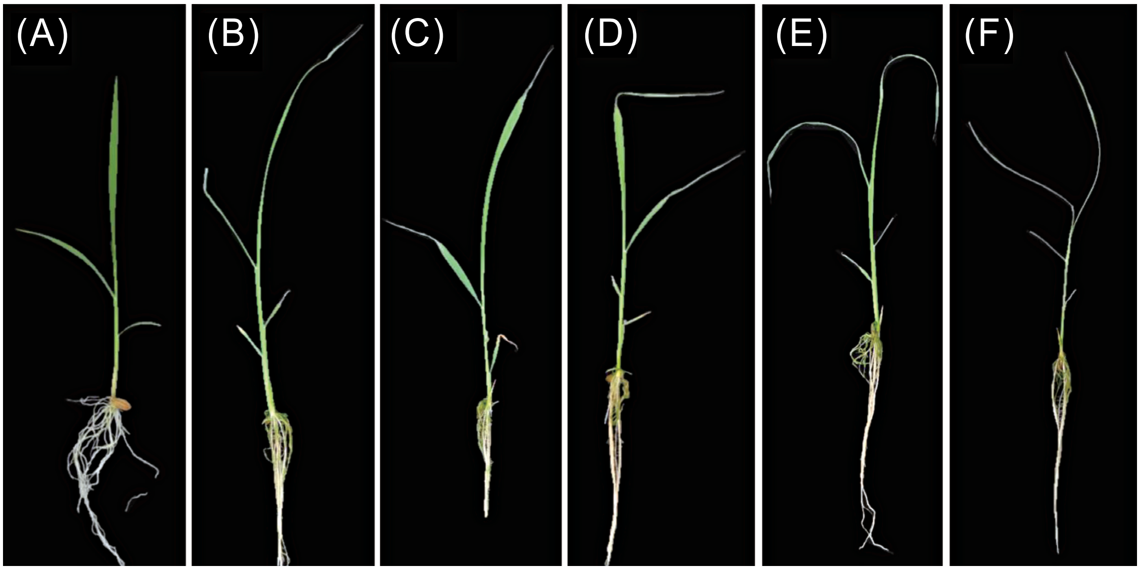

圖 2. 水稻幼苗期耐旱等級之型態。水稻三葉齡幼苗進行水分逆境處理後，不同耐旱等表現之等級，分別為 0：未乾旱處理 (A)；1：植株葉片捲曲或下位葉黃化 (B)；3：植株葉片先端乾枯白化 (C)；5：植株葉片約 1/2 乾枯白化 (D)；7：植株葉片約 2/3 乾枯白化 (E)；9：植株完全乾枯白化 (F)。

Fig. 2. The different scales of rice morphology in response to drought treatment. Rice was treated with drought during 3-leaf seeding and scaled as 0: none treatment (A); 1: Some leaves are rolled or discolored (B); 3: Some leaves tips are drying (C); 5: About 1/2 leaves of the plant are drying (D); 7: About 2/3 leaves of the plant are drying (E); 9: The whole plants are almost dead and dried, respectively (F).

理，並且不復水操作，各發育時期之處理，每 1 品系以 6 株水稻幼苗為 1 重複單位，試驗 3 重複，以 RCBD 設計排列，並於植株間表現出差異之起始點開始至植株接近死亡階段，每日進行耐旱等級調查。

統計分析

試驗中統計分析使用 Microsoft Office Excel 2010 套裝軟體，對試驗中產量構成要素和各葉齡處理天數先進行變方分析，並於有顯著差異之項目再以最小差異顯著性測驗 LSD (α = 0.05) 進行品系間比較。

分子標幟輔助耐旱水稻選拔

水稻基因組 DNA 之萃取及多型性分子標幟篩選：水稻葉片基因體 DNA (genomic DNA) 萃取方式修改自 benzyl chloride 法 (Kazuhiro *et al*. 1998)，先取約 5 cm 鮮嫩葉片放入 2.0 mL 圓底離心管，並置入 1 顆鋼珠，以組織研磨機 Tissue-Lyser II (Qiagen, German) 設定頻率至 30 Hz 震盪 2 min 研碎葉片。再加入 300 μL 之 Solution I (100 mM Tris-HCl, pH 9.0; 40 mM EDTA, pH 8.0; 1.67% SDS) 和 150 μL 之 benzyl chloride (Acros, USA) 後，置於 50℃水浴中 15 min。其後加入 150 μL 之 3 M 醋酸鈉緩衝液 (pH 5.0)，均勻混合，在 4℃下以 21,380× *g* 離心 15 min。取上清液至新的離心管，加入 700 μL 之 100% 乙醇混勻，以 21,380× *g* 離心 10 min 沉降 DNA，留下 DNA pellet，並加入 500 μL 之 70% 乙醇，靜置 5 min，清洗鹽類。去除乙醇後，風乾 DNA。最後加入 100 μL 之 TE 緩衝液 (10 mM Tris-HCl, pH 8.0; 1 mM EDTA, pH 8.0) 溶解 DNA。而分子標幟的挑選是先依據 Hsu *et al*. (2012) 發表之多型性分子標幟資料，挑選輪迴親本 ‘CNY911303’ 與 ‘HY15’ 間具多型性的分子標幟進行分析，並額外自行設計之 SSR 及 Indel 分子標幟填補不足位置。SSR 來源根據水稻分子標幟資料庫網站，Gramene (http://www.gramene.org/markers/microsat/)

已公布的 SSR 分子標幟序列 (Supplementary Table 18, IRGSP, 2005)，Indel 的設計則是根據 Shen *et al*. (2004) 所發表 Indel 存在位置進行相關引設計。

PCR、電泳與基因型判讀：PCR 反應總體積為 10 μL，包含約 20 ng 的 DNA、0.2 μM 的引子、1× *Taq* DNA Polymerase Master Mix Red (75 mM Tris-HCl, pH 8.5; 20 mM $(NH_4)_2SO_4$; 1.5 mM $MgCl_2$; 0.1% Tween 20®; 0.2 mM dNTPs; 0.05 units mL^{-1} Ampliqon *Taq* DNA Polymerase; red dye; stabilizer) (Ampliqon, Denmark) 和 ddH_2O，使用核酸增殖儀 Labcycler (Sensoquest, German) 進行反應。PCR 流程設定先 94℃為 2 min，1 個循環；94℃為 30 s，55℃為 20 s，72℃為 30 s，共 35 個循環；72℃為 2 min，1 個循環；最後結束在 20℃。PCR 擴增之 DNA 產物以 6% 的 1.5 mm non-SDS PAGE (non-SDS Polyacrylamide Gel Electrophoresis) 進行 PCR 產物的分離。膠體製作使用 4 片注膠器 GCC-204-33 (C.B.S. Scientific®, CA)，配方為 110 mL 的 1× TBE (Amresco®, USA)、77 mL 的逆滲透水、33 mL 的 40% 19 : 1 ACRYL/BIS™ (Amresco®, USA)、0.1% APS (Amresco®, USA)，最後添加 176 μL 的 TEMED (Amresco®, USA)， 靜置約 1 h 即可充分凝膠。電泳槽使用超寬型雙面直立式迷你電泳裝置 MGV-202-33 (C.B.S. Scientific®, CA)，1 個電泳槽 1 次可進行 2 片 (每片 102 個 well) 膠體電泳，電泳緩衝液使用 0.5× TBE。膠片中樣品槽均加入 1 μL 的各樣品 PCR 產物，並使用 100 V 進行 1 h 電泳，即可適當地分離 PCR 產物。電泳結束後將膠片卸下，置於含 10 μL SYBR® Safe DNA gel stain (Life technologies®, USA) 的 200 mL 逆滲透水中，輕搖 5 min 進行膠片外染，再放到暗箱中以 UV 光使 DNA 條帶顯影並照相記錄。經電泳分析 PCR 產物，比較親本和子代擴增 DNA 片段大小，當只出現 1 個 DNA 條帶並與 ‘HY15’ 相同，此子代為同型合子，將其基因型紀錄為 A；當只出現 1 個 DNA 條帶並與 ‘CNY911303’ 相同，此子代也為同型合子，將其基因型紀錄為 B；同時出現 2 個 DNA 條帶且與兩親本相同，此子代為異型合子，將此基因型紀錄為 H。基因型判讀工作採用人工判讀方式，避免來自電腦程式的誤判導致基因型評估錯誤。另外，在 BC_1–BC_4 世代之 F_1 回交子代植株，基因型分析中只會出現同型合子 B 或異型合子 H，如出現同型合子 A 的基因型，則視為自交種子並淘汰該單株。

繪製連鎖圖譜：利用專一性引子將目標片段擴增，並以電泳系統將擴增片段加以分離，挑選出在兩個輪迴親與貢獻親間具備多型性的分子標幟，使用 RAP-DB 網站提供 IRGSO/RAP build 5 版 BAC/PAC 位置，轉換成在 IRGSP (International Rice Genome Sequencing Project) 網站 Build 5 版所公布的連鎖圖譜位置，並將結果利用 GGT 2.0: graphical genotypes/2007 edition 軟體 (http://www.wageningenur.nl/) 進行分析，並將用於輔助選拔之分子標幟的連鎖圖譜繪出。

結果

分子標幟輔助耐旱水稻之選育

回交世代之分子標幟背景選拔：BC_1F_1 世代之秧苗經模擬缺水逆境處理後，挑選耐旱表現較佳之 46 株進行分子標幟背景選拔，利用分布在水稻 12 條染色體上，共 48 個分子標幟進行背景選拔，包括 30 個 SSR、4 個 STS 及 14 個 Indel 分子標幟，其密度約每 20 cM 選擇一個分子標誌進行分析 (表 1、圖 3)，結果 46 株 BC_1F_1 植株與 ‘CNY911303’ 的遺傳相似度介於 63.5–83.1% 之間，平均約為 74.1% (圖 4)，選出與 ‘CNY911303’ 相似度最高的 10 株 BC_1F_1 植株做為回交母本；在 BC_2F_1 世代，經模擬缺水逆境處理後，共挑選 22 株耐旱表現較佳之植株，進行分子標幟背景選拔，為避免特定基因體片段的重覆篩選，降低背景選拔效率，遂以不同的 48 個分子標幟進行背景選拔。結果顯示，22 株 BC_2F_1 植株與 ‘CNY911303’ 的遺傳相似度介於 76.6–92.3%，平均為 87.8% (圖 4)，選出 10 株遺傳相似度高之 BC_2F_1 進一步回交；在 BC_3F_1 回交後代，由於過度的缺水逆境篩選，造成只存活 1 株，故在此世代

表 1. 應用於 ‘CNY911303’ 與 ‘HY15’ 間背景選拔具多型性的分子標幟型態、數量和分布。

Table 1. List of the types and numbers of polymorphic markers used for background selection and their distribution in chromosomes.

		Genetic marker			
Backcross generation	Chr.	SSR	STS	Indel	Subtotal
BC_1	1	3	0	1	4
	2	2	0	2	4
	3	3	0	1	4
	4	2	0	2	4
	5	3	0	1	4
	6	3	0	1	4
	7	1	1	2	4
	8	3	0	1	4
	9	2	0	2	4
	10	3	0	1	4
	11	1	0	3	4
	12	4	0	0	4
	Total	30	1	17	48
BC_2	1	3	0	1	4
	2	3	1	0	4
	3	3	0	1	4
	4	3	0	1	4
	5	2	1	1	4
	6	4	0	0	4
	7	2	1	1	4
	8	1	1	2	4
	9	2	0	2	4
	10	2	0	2	4
	11	2	0	2	4
	12	3	0	1	4
	Total	30	4	14	48
BC_3	1	3	1	0	4
	2	2	0	2	4
	3	4	0	0	4
	4	1	0	3	4
	5	4	0	0	4
	6	2	0	2	4
	7	1	0	3	4
	8	2	0	2	4
	9	3	1	0	4
	10	3	0	1	4
	11	2	2	0	4
	12	3	0	1	4
	Total	30	4	14	48
BC_4	1	8	1	2	11
	2	6	1	3	10
	3	7	1	2	10
	4	3	0	6	9
	5	6	0	3	9
	6	6	0	3	9
	7	3	0	5	8
	8	3	0	4	7
	9	3	2	2	7
	10	5	0	2	7
	11	5	0	4	9
	12	7	0	1	8
	Total	62	5	37	104

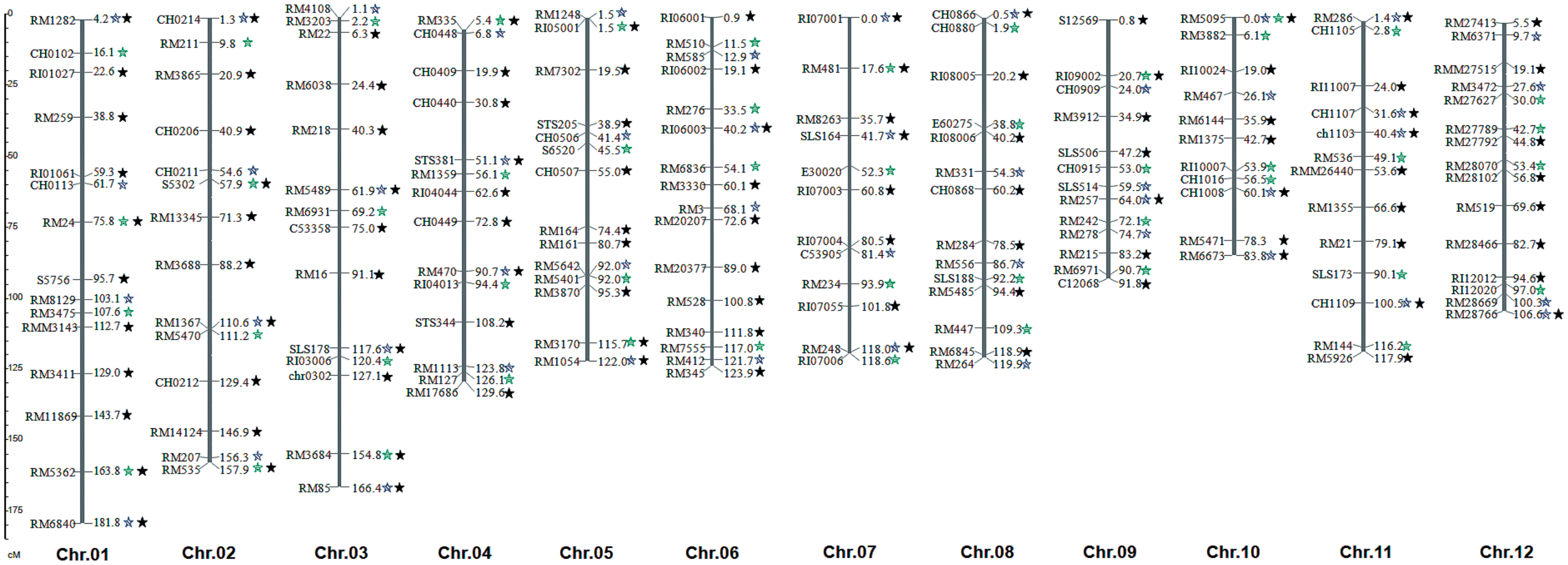

圖 3. 使用於背景選拔之多型性分子標幟。分別使用其中的 48 個分子標幟於 BC_1F_1 背景選拔 (藍色星型)、48 個分子標幟於 BC_2F_1 背景選拔 (綠色星型) 及 104 個分子標幟於 BC_4F_1 與 BC_4F_2 背景選拔 (黑色星型)。分子標幟代號 RM 開頭為 SSR 分子標幟，C、E 或 S 為 STS 分子標幟，CH、STS、SLS 或 RI 為 Indel 分子標幟。

Fig. 3. The polymorphic markers used for background selection. Forty eight markers indicated by blue stars, forty eight markers indicated by green stars and forty eight markers indicated by orange stars were applied to BC_1F_1, BC_2F_1, one hundred four markers indicated by black stars were applied to BC_4F_1 and BC_4F_2, for background selection. The prefixes RM indicates SSR markers; C, E, and S indicate STS markers; CH, STS, SLS, and RI indicate Indel markers.

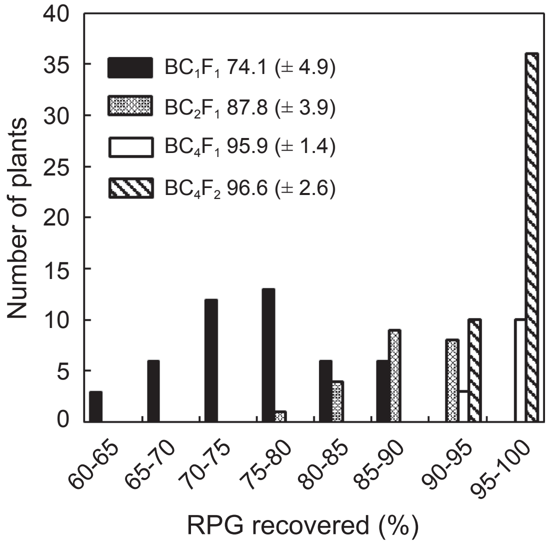

圖 4. 分子標幟輔助 'CNY911303'/'HY15' 回交育種後代族群於 BC_1F_1、BC_2F_1、BC_4F_1 及 BC_4F_2 回復輪迴親基因體比率之頻率分布。框中之數值為族群平均輪迴親基因體回復比率，括弧內數值為標準差。

Fig. 4. The frequency distribution of recurrent parent genome (RPG) recovered rate using marker-assisted backcrossing in BC_1F_1, BC_2F_1, BC_4F_1, and BC_4F_2 population derived from the backcross of 'CNY911303'/'HY15'. The numbers inside the right side of frame indicate the mean values of RPG recovered (± SD) in each generation.

不進行背景選拔，直接供進一步回交利用；在 BC_4F_1 世代，利用分布在水稻 12 條染色體上，共 104 個分子標幟進行背景選拔，包括 60 個 SSR、5 個 STS 及 37 個 Indel 分子標幟，以此 104 個分子標幟進行 BC_4F_1 回交後代之背景選拔 (表 1、圖 3)。篩選結果顯示，獲選之 13 株植株與 'CNY911303' 之遺傳相似度介於 95.2–99.1%，平均達到 95.9% (圖 4)，全數植株自交收穫並建立 BC_4F_2 世代，進行缺水逆境處理後，延續 BC_4F_1 所使用之 104 個分子標幟再進行 1 次背景選拔。結果顯示，在所獲得之 BC_4F_2 回交後代與 'CNY911303' 的遺傳相似度介於 92.4–100.0%，平均達 96.6% (表 2、圖 4)。

耐旱品系在不同發育時期耐性之評估

由分子標幟輔助選種所得之 40 個 BC_4F_4 品系，再經水分逆境篩選出耐旱等級佳之品系 DT73、DT85、DT86 及 DT90 等 4 個品系，分別於三葉齡、五葉齡及七葉齡等 3 個時期進行耐旱性評估，藉以確認耐旱品系在不同發育時期之耐旱性穩定性。結果如表 3 所示，在三葉齡時期在處理後第 1 天各品系在耐旱等級表現即可判別差異，故開始進行植株耐旱等級調查直至第 9 天 (圖 5A)，同樣以植株表現耐旱等

表 2. 以 104 個分子標幟於 MAS 分析 BC_4F_2 之基因體組成。

Table 2. The genome composition of each individuals of BC_4F_2 calculated by the results of MAS-based 104 polymorphic markers.

Individual[z]	A (%)[y]	B (%)[x]	H (%)[w]	RPG recovered (%)	Recombinant[v]	H-segment[u]
CNY911303	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
3-10	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
3-11	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
3-12	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
4-12	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
15-10	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
15-11	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
15-12	0.0	100.0	0.0	100.0	0	0
3-4	0.0	98.4	1.6	99.2	2	1
11-12	0.0	97.7	2.3	98.9	2	1
20-11	0.0	97.2	2.8	98.6	4	2
27-12	0.0	97.2	2.8	98.6	5	3
8-11	0.0	97.0	3.0	98.5	2	1

表 **2.**　以 104 個分子標幟於 MAS 分析 BC_4F_2 之基因體組成 (續)。

Table 2.　The genome composition of each individuals of BC_4F_2 calculated by the results of MAS-based 104 polymorphic markers (continued).

Individual[z]	A (%)[y]	B (%)[x]	H (%)[w]	RPG recovered (%)	Recombinant[v]	H-segment[u]
11-17	1.0	97.7	1.3	98.4	3	1
11-11	1.3	97.7	1.0	98.2	3	1
13-12	0.0	96.4	3.6	98.2	3	2
11-10	0.0	96.0	4.0	98.0	4	2
12-16	0.0	95.9	4.1	98.0	1	1
6-9	0.6	96.2	3.2	97.8	4	2
12-27	1.6	96.9	1.5	97.7	4	2
6-8	0.0	93.7	6.3	96.9	6	3
7-8	1.0	94.7	4.3	96.9	6	3
6-4	3.1	96.5	0.4	96.7	2	1
13-11	0.0	93.2	6.8	96.6	4	2
25-20	0.4	93.3	6.3	96.5	5	2
2-15	3.2	95.5	1.3	96.2	6	2
1-5	2.7	94.3	2.9	95.8	6	2
17-10	2.0	93.4	4.5	95.7	5	2
7-7	2.3	93.6	4.0	95.6	5	2
12-18	3.8	95.0	1.2	95.6	5	1
5-26	1.3	92.3	6.4	95.5	7	3
7-12	2.4	93.4	4.2	95.5	5	2
5-25	2.2	93.1	4.7	95.5	6	2
12-17	3.5	94.3	2.2	95.4	4	2
6-6	0.4	91.1	8.5	95.4	8	4
16-7	2.4	92.8	4.8	95.2	7	3
5-12	0.0	90.1	9.9	95.1	8	4
6-10	3.8	92.7	3.5	94.5	8	2
6-7	3.1	91.5	5.5	94.3	6	2
10-8	3.5	91.7	4.8	94.1	8	3
16-11	1.0	88.9	10.1	94.0	6	3
7-11	4.8	92.2	3.0	93.7	6	2
16-10	2.4	89.7	7.9	93.7	5	2
5-27	4.7	91.1	4.1	93.2	8	2
5-10	4.0	90.1	5.9	93.1	9	3
5-11	5.9	91.1	3.0	92.6	8	1
16-12	5.6	90.4	4.0	92.4	7	2
Hang-Yu 15	100.0	0.0	0.0	0.0	0	0

[z] Variety name (Arrangement by RPG recovered of CNY911303).
[y] The percent of Hang-Yu 15 genome.
[x] The percent of recurrent parent genome.
[w] The percent of heterozygote.
[v] The frequency of cross-over happened in chromosome segment.
[u] Amount of heterozygote in all markers.

表 3. ‘HY15’、‘CNY911303’、‘IR64’ 和 4 個 BC_4F_4 耐旱品系於 3 個不同生長期行 28% PEG-6000 處理之耐旱等級表現。

Table 3. The scale of drought-tolerance in ‘HY15’, ‘CNY911303’, ‘IR64’, and four BC_4F_4 drought-tolerant rice lines under the treatment of 28% PEG-6000 at three growing stages.

		Scale of drought-tolerance[z]										
		Days after treatment										
Stage	Line or variety	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Three-leaf seedling	HY15	1.9	4.5 a	5.8 a	7.3	7.9	8.3 a	8.4	8.7 a	8.9 a	-	-
	CNY911303	1.9	4.3 ab	5.2 abc	6.9	7.2	7.7 abc	8.1	8.5 ab	8.7 ab	-	-
	IR64	2.6	4.7 a	5.4 ab	6.7	7.5	7.8 ab	8.3	8.9 a	8.9 a	-	-
	DT73	1.9	3.7 bc	4.8 bc	6.2	6.9	7.3 abc	7.7	7.9 bc	8.3 bc	-	-
	DT85	1.6	3.7 bc	4.5 c	5.5	6.3	6.7 c	7.0	7.3 c	8.1 c	-	-
	DT86	1.9	3.5 c	4.7 bc	5.6	6.4	6.9 bc	7.1	7.4 c	8.1 c	-	-
	DT90	1.4	3.7 bc	4.6 c	5.8	6.7	6.9 bc	7.3	7.9 bc	7.9 c	-	-
Five-leaf seedling	HY15	-	4.3 a	5.1	5.9 abc	6.4 ab	6.5 bc	7.5 b	8.0 ab	8.8 a	9.0 a	-
	CNY911303	-	3.7 abc	5.3	6.0 ab	6.5 ab	7.0 ab	7.8 ab	8.4 a	8.6 ab	9.0 a	-
	IR64	-	4.2 ab	5.8	6.3 a	6.9 a	7.3 a	8.4 a	8.6 a	8.9 a	9.0 a	-
	DT73	-	3.4 c	4.8	5.5 cd	5.5 cd	5.7 de	6.7 cd	7.4 bc	8.0 bc	8.6 b	-
	DT85	-	3.5 bc	4.7	5.4 d	5.5 cd	5.8 de	6.4 cd	7.6 bc	8.3 abc	8.7 b	-
	DT86	-	3.7 abc	5.1	5.7 bcd	6.0 bc	6.3 cd	7.1 bc	7.6 bc	7.8 c	8.6 b	-
	DT90	-	3.3 c	4.7	5.3 d	5.5 cd	5.6 e	6.3 d	7.1 c	8.1 bc	8.7 b	-
Seven-leaf seedling	HY15	-	3.3 b	4.3	5.5 abc	5.9 b	6.5 abc	6.7	7.6 b	8.5 abc	8.3	8.7
	CNY911303	-	3.8 a	4.5	6.3 a	6.6 a	6.8 ab	6.9	8.1 a	8.7 ab	9.0	9.0
	IR64	-	3.9 a	4.8	6.2 a	6.7 a	7.0 a	7.0	8.1 a	8.9 a	8.9	9.0
	DT73	-	3.1 b	4.1	5.1 bc	5.7 bc	6.1 cd	6.5	7.0 d	8.1 cd	8.4	8.7
	DT85	-	3.3 b	3.8	4.7 c	5.2 c	5.9 d	6.4	7.1 cd	7.7 d	8.3	8.7
	DT86	-	3.1 b	3.8	5.3 bc	6.0 b	6.5 bc	6.5	7.3 bcd	8.5 abc	8.4	8.8
	DT90	-	3.1 b	4.1	5.3 bc	5.9 b	6.4 bcd	6.6	7.5 bc	8.4 bc	8.7	8.9

[z] Means with none or the same letter of a row are not significantly different at 5% level by least significant difference (LSD) test.

級的平均值表示。結果發現，兩親本與對照品種在處理後第 3 天已達 5 級，各品系則在處理下第 4 天達到 5 級，在處理後第 7 天所有品系則皆達到 7 級以上；經由變方分析結果顯示，各品系間耐旱表現之差異於處理後第 2、3、6、8 和 9 天均達顯著水準，並繼續進行多重比較。結果發現 ‘DT85’ 品系的表現最好，於處理後第 3 天開始在多重比較下皆與 ‘IR64’ 達顯著差異，其餘 4 個品系在處理後第 8 和 9 天有顯著差異 (表 3)。耐旱測試結果顯示，三葉齡耐旱處理 3–4 天之間，可明顯區分出耐旱及不耐旱品系間之差異，且部分育成回交品系之耐旱性明顯較輪迴親表現良好。

在五葉齡時期，處理後第 2 天進行耐旱等級調查，調查植株耐旱等級直至第 10 天 (圖 5B)，在第 4 天，所有品系皆達 5 級以上，並在第 8 天，所有品系皆達到 7 級以上；經由變方分析結果顯示，品系間耐旱表現差異分別在第 2 與 4–10 天均有顯著差異。多重比較結果顯示，4 個品系耐旱等級表現較 ‘CNY911303’ 與 ‘IR64’ 具有顯著差異 (表 3)。耐旱測試結果顯示五葉齡耐旱處理 4 天時，即在耐旱及不耐旱品系間達顯著差異，且育成回交品系之耐旱性均明顯較輪迴親表現良好。

在七葉齡時期，植株在處理後第 2 天開始進行耐旱等級調查，調查每 1 天的植株耐

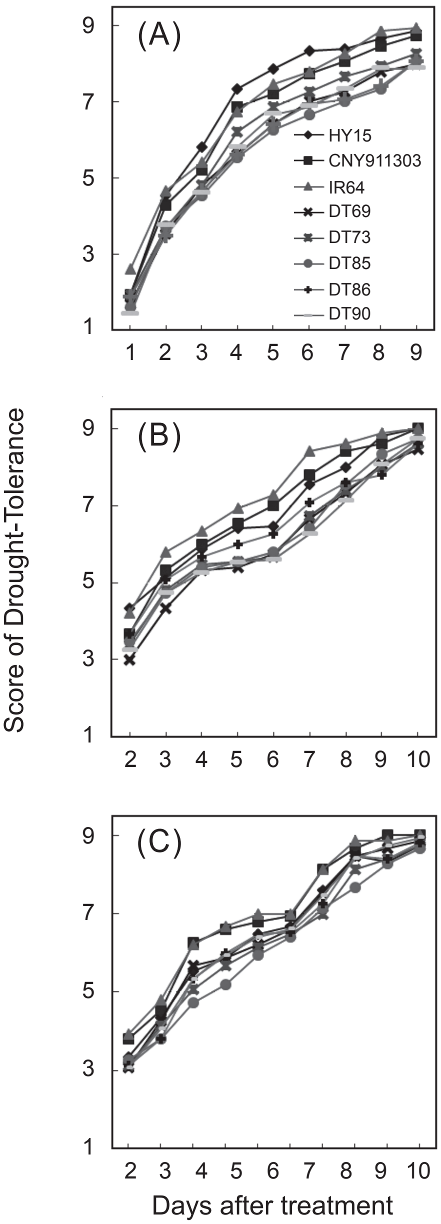

圖 5. 耐旱品種 'HY15'、乾旱敏感品種 'IR64'、輪迴親 'CNY911303' 及 5 個 'CNY911303'/'HY15' 回交後代 BC_4F_4 耐旱品系於三葉齡 (A)、五葉齡 (B) 及七葉齡 (C) 進行 28% PEG-6000 模擬缺水逆境處理下之耐旱等級變化。

Fig. 5. The drought-tolerance scale evaluated in drought-tolerant line 'HY15', drought-susceptible variety 'IR64', recurrent parent 'CNY911303' and five BC_4F_4 drought-tolerant lines derived from the backcross of 'CNY911303'/'HY15' at three-leaf (A), five-leaf (B), and seven-leaf (C) stages under the treatment of 28% PEG-6000.

旱等級直至第 11 天 (圖 5C)，'CNY911303' 和 'IR64' 於處理後第 4 天，品系在第 5 天達到 5 級以上，在第 8 天達到 7 級以上；經由變方分析結果顯示，品系間耐旱表現差異在處理後第 2、4、5、6、8 和 9 天達顯著水準。多重比較結果發現，以 'DT85' 和 'DT73' 品系耐旱性表現最佳，4 個耐旱品系在處理過程中的表現也都優於 'CNY911303' 與 'IR64' (表 3)。耐旱測試結果顯示，七葉齡耐旱處理 4 天時，即在耐旱及不耐旱品系間達顯著差異。觀察 4 個耐旱品系、兩親本與對照組，在 3 個不同葉齡情況下的水分逆境處理，各自調查耐旱等級表現，綜合表現以 'DT85' 在 3 個葉齡中皆有較好的表現，'DT73' 則在五和七葉齡處理反應良好；在 3 個葉齡的處理中，對照組 'IR64' 與輪迴親 'CNY911303' 在缺水處理過程之等級變化速度均較 4 個耐旱品系快，顯示 'CNY911303'/'HY15' 的雜交組合，成功地將 'HY15' 的耐旱特性轉移到 'CNY911303' 中。

耐旱品系產量比較與構成要素試驗

品系產量比較試驗：在 BC_4F_1 世代經耐旱處理後存活的植株，移植於田間並經自交後進行單株收穫，共獲得 40 個 BC_4F_2 品系，於 2013 年一期進行品系產量比較試驗，稻穀產量表現先換算成每株稻穀收穫重量，再依一般田間種植每公頃 220,000 株數量加乘，得到每公頃的產量，結果如表 4 所示。各品系產量介於 997–5,005 kg ha^{-1}，有 31 個品系的產量低於 3,000 kg ha^{-1}，以品系 'DT102' 稻穀產量最高為 5,005 kg ha^{-1}，其次為 'DT74' 及 'DT76'，各為 4,579 kg ha^{-1} 及 4,311 kg ha^{-1}，其產量均高於輪迴親本 'CNY911303' (1,100 kg ha^{-1})。

品系旱田實用性之評估：以模擬缺水逆境所篩選之 'DT73'、'DT85'、'DT86' 和 'DT90' 等 4 個 BC_4F_4 耐旱品系為材料，於 2014 年二期利用旱田栽培模式於成株期進行稻穀產量調查。結果發現，在旱田栽培狀態下，以對照 'CNY911303' 之稻穀產量指數為 100%，換算 4 個耐旱品系之稻穀產量指數則介於 90.7–142.9% (表 5)，其中以 'DT73'、'DT85' 和 'DT86' 等 3 個耐旱品系之稻穀產量分別為 5,404、4,595 及 4,560 kg ha^{-1} 高於對照品

表 4. 2013 年一期作 ‘HY15’、‘CNY911303’ 及 40 個 BC_4F_2 耐旱品系稻穀試驗之稻穀產量表現。

Table 4. The grain yield of ‘HY15’, ‘CY911303’ and 40 BC_4F_2 drought-tolerant rice lines in yield trial in the first cropping season of 2013.

Line or variety	Grain yield (kg ha^{-1})	Line or variety	Grain yield (kg ha^{-1})
Y15	5,129	DT88	1,210
CNY911303	1,100	DT89	1,341
DT69	1,884	DT90	1,348
DT70	1,939	DT91	3,383
DT71	2,186	DT92	1,925
DT72	2,028	DT93	2,482
DT73	2,021	DT94	1,712
DT74	4,579	DT95	2,008
DT75	3,252	DT96	1,506
DT76	4,311	DT97	4,153
DT77	2,111	DT98	2,441
DT78	3,004	DT99	2,998
DT79	2,729	DT100	3,355
DT80	2,578	DT101	2,516
DT81	1,293	DT102	5,005
DT82	1,052	DT103	2,970
DT83	1,107	DT104	2,393
DT84	2,654	DT105	1,121
DT85	3,279	DT106	2,393
DT86	1,224	DT107	1,203
DT87	1,540	DT108	997

表 5. 2014 年二期作 ‘CNY911303’ 和 4 個 BC_4F_5 耐旱品系產量試驗之稻穀產量表現。

Table 5. The grain yield of ‘CNY911303’ and 4 BC_4F_5 drought-tolerant rice lines in yield trial in the second cropping season of 2014.

Line or variety	Grain yield (kg ha^{-1})	Yield index (%)
CNY911303	3,781 b^z	100.0
DT73	5,404 a	142.9
DT85	4,595 ab	121.5
DT86	4,560 ab	120.6
DT90	3,432 b	90.7

^{z} Means with the same letter of a row are not significantly different at 5% level by least significant difference (LSD) test.

種，‘DT73’ 的產量更超過 5,000 kg ha^{-1}。顯示選出之 3 個耐旱品系於旱田栽培下，相較於輪迴親本有提升稻穀產量之效益，尤其耐旱品系 ‘DT73’ 品系，其稻穀產量高於對照品種 ‘CNY911303’ 約 42% 以上，顯示具有缺水耐受性及高產之潛能。

討論

分子標幟輔助選拔

利用傳統回交育種要完全回復到輪迴親背景的基因型，需經過 6–8 代的回交，然而在族群數量偏少或雜交親本遺傳背景較遠的因素影

響下，會造成各回交世代回復到輪迴親基因體的比率較理論值低 (Collard *et al*. 2005)。以分子標幟輔助選種結合回交育種的方法，可以在不受環境影響下，於早世代進行大量目標基因的選拔，只需回交 3–4 次，即可回復至輪回親背景超過 95%，甚至將分子標幟選用的密度降於 10 cM 之內，回交 2 次即可達到此目標。因此，分子標幟輔助選拔的效率會受回交族群大小、導入基因的數目、分子標幟與目標基因座距離的遠近及背景選拔使用的標幟數量所影響 (Collard *et al*. 2008; Xu & Crouch 2008)。

本試驗雜交組合在回交 4 次之 BC_4 所選拔的後代，其回復率介於 95.2–99.1% 間，顯示回交後代已回復接近輪迴親的基因體，然而由所挑選的 104 個分子標幟分析 BC_4F_1 及 BC_4F_2 世代各為 95.9% 及 96.6%，其回復率低於理論值，這可能是本試驗所選用雜交親本間的遺傳背景可能較遠，造成回復率偏低，但選拔的回交後代仍有單株達近 100% 回復率。顯示挑選的植株仍有回復至輪迴親基因體之後代。相似的選拔結果也在其他耐逆境的研究中發現，例如：Neeraja *et al*. (2007) 利用水稻基因圖譜上約 89 個分子標幟分析不同回交世代之耐淹植株背景，結果其回復率在 BC_1 世代約 67.9%、BC_2 世代約 90.7%、BC_3F_1 世代約 96.2%、BC_3F_2 世代則有植株回復比率達 100%；Kuo *et al*. (2013) 同樣利用水稻基因圖譜上共 113 個分子標幟，進行耐鹽不同回交世代之分析，回復率在 BC_1 世代約 75%、BC_2 世代約 89%、BC_3 世代約 96.4%；Li *et al*. (2014) 利用水稻基因圖譜上共 104 個分子標幟，進行耐旱不同回交世代之分析，其回復率在 BC_2 世代約 91.6%、BC_3 世代約 91.6%、BC_4 世代約 94.5%。本試驗將回交後代進一步繁殖成 BC_4F_3 世代，再利用譜系法將單株純化固定成 BC_4F_5 品系，於田間進行旱田產量評估試驗，其獲選耐旱品系在缺水環境上之栽培實用性便可獲得印證。

耐旱品系不同時期耐旱性之評估

分子標幟能在育種上作為輔助選拔的工具，但無法完全取代外表型的選拔 (Ragimekula *et al*. 2013)，無論分子標幟與基因或基因座是緊密連鎖，育成品系在外表特性的檢測是必需的 (Yu *et al*. 2000)。Dixit *et al*. (2012) 利用耐旱品種 ‘Vandana’ 與缺水敏感品種 ‘Way Raremy’ 雜交，透過分子標幟輔助回交育種將 $qDTY_{2.3}$ 與 $qDTY_{3.2}$ 導入帶有 $qDTY_{12.1}$ 的 ‘Way Raremy’ 中，在插秧後 35 d 進行乾旱處理，當土壤濕度小於 -50 kPa 時才予以灌水。由 BC_2F_3 篩選結果發現，在缺水逆境篩選過程發現，帶有 $qDTY_{2.3}$ 與 $qDTY_{12.1}$ 的品系 ‘IR84996-50-4-B-4’ 較輪迴親 ‘Way Raremy’ 耐旱性且高產。Li *et al*. (2014) 利用 ‘TK9’ 與 ‘HY15’ 之回交後代，在三、五、七葉齡水分逆境處理結果，顯示回交後代 ‘DT3’ 和 ‘DT39’ 等 2 個品系在苗期耐旱性表現較佳，與對照品種 ‘IR64’ 及輪迴親 ‘TK9’ 的表現在五及七葉齡有達顯著差異，顯示 ‘HY15’ 的耐旱基因成功導入水稻品種 ‘TK9’ 中。在本研究中品系，由 BC_4F_4 世代所獲得品系的耐旱表現發現，‘DT73’、‘DT85’、‘DT86’ 及 ‘DT90’ 等 4 個品系，其在苗期均有不錯的表現且具穩定的耐旱表現，與對照品種 ‘IR64’ 及輪迴親 ‘CNY911303’ 的表現在五及七葉齡有達顯著差異，且生長勢與輪迴親間的並無發現差異。因此，4 個品系在苗期耐旱表現已顯著優於輪迴親來看，透過本試驗利用分子標幟輔助及缺水逆境篩選的回交育種策略，能成功將 ‘HY15’ 的耐旱性導入 ‘CNY911303’ 中，提高回交後代之耐旱特性。

耐旱品系產量評估試驗

水稻幼苗期與生長盛期對乾旱逆境之反應有所不同 (Jongdee *et al*. 2002; Gowda *et al*. 2011; Shih *et al*. 2012)，水稻幼苗期較成株期對缺水逆境相對敏感，透過幼苗期的耐旱性篩選，不僅可以篩選出早期表現耐旱相關的植株，亦可在成株期篩選同步表現耐旱之植株。Wu (2013) 利用 PEG-6000 在水泥槽進行缺水逆境處理，其結果篩選出 9 個於幼苗期具缺水耐受性之突變品系，其中 6 個品系在成株期較具缺水耐受性，另外 3 個品系則反應敏感。近年利用乾旱逆境下穀粒產量作為耐旱篩選指標，已逐漸獲得學者重視，例如：利用回交導入 $qDTY_{12.1}$ 不僅可使導入品系耐乾旱逆境，更可增加產量約 0.5 Mg ha^{-1}，導入其他 *qDTY*

也可提高 10–30% 的產量，約增加 150–500 kg ha^{-1}，明顯提高栽培的經濟效益 (Babu *et al*. 2003; Lanceras *et al*. 2004; Kumar *et al*. 2008; Venuprasad *et al*. 2008; Swamy *et al*. 2013)。Li *et al*. (2014) 利用 ‘TK9’ 與 ‘HY15’ 之回交後代，以缺水逆境及分子標幟輔助選拔進行篩選，由選出的 12 個 BC_4F_4 回交品系，再經成株期的田間耐旱評估，結果發現有 4 個品系的平均產量超過 5,000 kg ha^{-1}，明顯提高 ‘TK9’ 的耐旱性及產量。本研究利用旱田水分管理模式，探討經幼苗期 PEG-6000 篩選 (前景選拔) 及分子標幟輔助背景選拔所得之 4 個回交品系在成株期之田間耐旱性差異，從選育出的品系材料中，‘DT73’、‘DT85’ 和 ‘DT86’ 等 3 品系在旱田缺水處理栽培下，其產量顯著高於輪迴親 ‘CNY911303’，其中又以 ‘DT73’ 稻穀產量約在 5,000 kg ha^{-1} 以上，提高約 42.9%，顯示 ‘DT73’ 在旱田環境下具實用栽培價值。

本研究以 PEG-6000 進行前景選拔，不僅可獲得幼苗期耐旱的植株，更可篩選出水稻在成株期耐旱較佳之品系，顯示利用前景篩選可選出全生育或不同生育時期耐旱之植株。這也暗示幼苗期與成株期對缺水的反應是不相同的，且可能在不同發育時期會有不同的耐旱調控機制。Zhou *et al*. (2006) 利用野生稻 *Oryza rufipogon* 與秈稻品種 Guichao 2 進行回交，由所育成的 BC_4F_5 和 BC_4F_6 導入系進行缺水逆境處理，並針對耐旱相關的基因座進行定位，其結果分別在第 2、6 和 12 對染色體共定位到 4 個 QTL，其中在第 12 對染色體所發現的 *qSDT12-2*，可在幼苗期缺水的逆境下穩定表現，而其他的基因座則被認為可能會在不同的生育期表現。本研究藉由回交育種配合分子標幟輔助選拔及 PEG-6000 模擬缺水逆境的篩選模式，可有效進行耐旱性之轉移及選育工作，未來可提供國內進行耐旱水稻之育種之參考，可於 4–5 年內改良國內水稻優良品種的耐旱特性，因應極端氣候下在糧食生產的需求。

引用文獻

Babu, R. C., B. D. Nguyen, V. Chamarerk, P. Shanmugasundaram, P. Chezhian, P. Jeyaprakash, S. K. Ganesh, A. Palchamy, S. Sadasivam, S. Sarkarung, L. J. Wade, and H. T. Nguyen. 2003. Genetic analysis of drought resistance in rice by molecular markers: Association between secondary traits and field performance. Crop Sci. 43:1457–1469.

Bernier, J., A. Kumar, R. Serraj, D. Spaner, and G. N. Atlin. 2008. Breeding upland rice for drought resistance. J. Sci. Food Agric. 88:927–939.

Bernier, J., A. Kumar, R. Venuprasad, D. Spaner, S. Verulkar, N. P. Mandal, P. K. Sinha, P. Peeraju, P. R. Dongre, R. N. Mahto, and G. Atlin. 2009. Characterization of the effect of a QTL for drought resistance in rice, *qtl12.1*, over a range of environments in the Philippines and eastern India. Euphytica 166:207–217.

Bernier, J., A. Kumar, V. Ramaiah, D. Spaner, and G. Atlin. 2007. A large-effect QTL for grain yield under reproductive-stage drought stress in upland rice. Crop Sci. 47:507–516.

Bruinsma, J. 2009. The Resource Outlook to 2050: By How Much do Land, Water and Crop Yields Need to Increase by 2050? Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome. 33 pp.

Chutia, J. and S. Borah. 2012. Water stress effects on leaf growth and chlorophyll content but not the grain yield in traditional rice (*Oryza sativa* Linn.) genotypes of Assam, India II. Protein and proline status in seedlings under PEG induced water stress. Amer. J. Plant Sci. 3:971–980.

Collard, B. C. Y., C. Vera Cruz, K. L. McNally, P. Virk, and D. Mackill. 2008. Rice molecular breeding laboratories in the genomics era: Current status and future considerations. Intl. J. Plant Genomics 2008:1–25.

Collard, B. C. Y. and D. J. Mackill. 2008. Marker-assisted selection: An approach for precision plant breeding in the twenty-first century. Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci. 363:557–572.

Collard, B. C. Y., M. Z. Z. Jahufer, J. B. Brouwer, and E. C. K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. Euphytica 142:169–196.

Datta, K. and S. K. Datta. 2006. Indica rice (*Oryza sativa*, BR29 and IR64). Methods Mol. Biol. 343:201–212.

Dixit, S., B. P. Mallikarjuna Swamy, P. Vikram, J. Bernier, M. T. Sta Cruz, M. Amante, D. Atri, and A. Kumar. 2012. Increased drought tolerance and wider adaptability of $qDTY_{12.1}$ conferred by its interaction with $qDTY_{2.3}$ and $qDTY_{3.2}$. Mol. Breeding 30:1767–1779.

Evenson, R. E. and D. Gollin. 2003. Assessing the impact of the green revolution, 1960 to 2000. Science 300:758–762.

Fukai, S., G. Pantuwan, B. Jongdee, and M. Cooper. 1999. Screening for drought resistance in rainfed lowland rice. Field Crops Res. 64:61–74.

Gowda, V. R. P., A. Henry, A. Yamauchi, H. E. Shashidhar, and R. Serraj. 2011. Root biology and genetic improvement for drought avoidance in rice. Field Crops Res. 122:1–13.

Hsu, J. H., Y. R. Lin, C. W. Kuo, and Y. P. Wu. 2012. Establishing the platform of polymorphic markers for rice. Crop Environ. Bioinform. 9:137–159. (in Chinese with English abstract)

Hu, J., M. Cheng, G. Gao, Q. Zhang, J. Xiao, and Y. He. 2013. Pyramiding and evaluation of three dominant brown planthopper resistance genes in the elite indica rice 9311 and its hybrids. Pest Manage. Sci. 69:802–808.

International Rice Genome Sequencing Project. 2005. The map-based sequence of the rice genome. Nature 436:793–800.

International Rice Research Institute. 1996. Standard Evaluation System for Rice. International Rice Research Institute. Los Banos. 56 pp.

Jiang, H., Y. Feng, L. Bao, X. Li, G. Gao, Q. Zhang, J. Xiao, C. Xu, and Y. He. 2012. Improving blast resistance of Jin 23B and its hybrid rice by marker-assisted gene pyramiding. Mol. Breeding 30:1679–688.

Jongdee, B., S. Fukaib, and M. Cooper. 2002. Leaf water potential and osmotic adjustment as physiological traits to improve drought tolerance in rice. Field Crops Res. 76:153–163.

Kazuhiro, K., Y. Niwa, T. Yamaguchi, H. Sunohara, H. Hirano, and M. Umeda. 1998. A rapid and easy-handling procedure for isolation of DNA from rice, Arabidopsis and tobacco. Plant Biotechnol. 15:45–48.

Khush, G. S. 2001. Green revolution: The way forward. Nat. Rev. Genet. 2:815–822.

Kumar, A., J. Bernier, S. Verulkar, H. R. Lafitte, and G. N. Atlin. 2008. Direct selection for yield, response to selection and use of drought-tolerant donors in upland and lowland-adapted populations. Field Crops Res. 107:221–231.

Kuo, S. C., C. W. Kuo, Y. R. Lin, and Y. P. Wu. 2013. Marker-assisted selection of salt tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). J. Taiwan Agric. Res. 62:137–156. (in Chinese with English abstract)

Lanceras, J. C., G. Pantuwan, B. Jongdee, and T. Toojinda. 2004. Quantitative trait loci associated with drought tolerance at reproductive stage in rice. Plant Physiol. 135:384–399.

Levitt, J. 1980. Response of Plants to Environmental Stresses, Water, Radiation, Salt and Other Stresses. Academic Press. New York. 607 pp.

Li, K. H., C. W. Kuo, Y. C. Hsu, Y. R. Lin, and Y. P. Wu. 2014. Increasing drought tolerance of rice cultivar 'TK9' using marker-assisted selection. Crop Environ. Bioinform. 11:143–164. (in Chinese with English abstract)

Luo, L. J. 2010. Breeding for water-saving and drought-resistance rice (WDR) in China. J. Exp. Bot. 61:3509–3517.

Maclean, J. L., D. C. Dawe, B. Hardy, and G. P. Hettel. 2002. Source Book for the Most Important Economic Activity on Earth. CABI Press. Oxon. 153 pp.

Mishra, K. K., P. Vikram, R. B. Yadaw, B. P. Swamy, S. Dixit, M. T. Cruz, P. Maturan, S. Marker, and A. Kumar. 2013. $qDTY_{12.1}$: A locus with a consistent effect on grain yield under drought in rice. BMC Genet. 14:12.

Neeraja, C. N., R. Maghirang-Rodriguez, A. Pamplona, S. Heuer, B. C. Collard, E. M. Septiningsih, G. Vergara, D. Sanchez, K. Xu, A. M. Ismail, and D. J. Mackill. 2007. A marker-assisted backcross approach for developing submergence-tolerant rice cultivars. Theor. Appl. Genet. 115:767–776.

Pantuwan, G., S. Fukai, M. Cooper, S. Rajatasereekul, and J. C. O'Toole. 2002. Yield response of rice (*Oryza sativa* L.) to drought under rainfed lowlands: 3. plant factors contributing to drought resistance. Field Crops Res. 73:181–200.

Price, A. and B. Courtois. 1999. Mapping QTLs associated with drought resistance in rice: Progress, problems and prospects. Plant Growth Regul. 29:123–133.

Ragimekula, N., N. Varadarajula, S. Mallapuram, G. Gangimeni, R. Reddy, and H. Kondreddy. 2013. Marker assisted selection in disease resistance breeding. J. Plant Breed. Gene. 1:90–109.

Salgotra, R. K., B. B. Gupta, R. Millwood, M. Balasubramaniam, and C. N. Stewart, Jr. 2012. Introgression of bacterial leaf blight resistance and aroma genes using functional marker-assisted selection in rice (*Oryza sativa* L.). Euphytica 187:313–323.

Shen, Y. J., H. Jiang, J. P. Jin, Z. B. Zhang, B. Xi, Y. Y. He, G. Wang, C. Wang, L. Qian, X. Li, Q. B. Yu, H. J. Liu, D. H. Chen, J. H. Gao, H. Huang, T. L. Shi, and Z. N. Yang. 2004. Development of genome-wide DNA polymorphism database for map-based cloning of rice genes. Plant Physiol. 135:1198–1205.

Shih, C. L., R. K. Chen, C. N. Tsai, P. H. Liu, J. C. Lo, and W. L. Huang. 2012. Correlation analysis for drought tolerance between seedling stage and active tillering stage in rice. J. Agric. For. 9:55–69. (in Chinese with English abstract)

Steele, K. A., A. H. Price, H. E. Shashidhar, and J. R. Witcombe. 2006. Marker-assisted selection to introgress

rice QTLs controlling root traits into an Indian upland rice variety. Theor. Appl. Genet. 112:208–221.

Steele, K. A., A. H. Price, J. R. Witcombe, R. Shrestha, B. N. Singh, J. M. Gibbons, and D. S. Virk. 2013. QTLs associated with root traits increase yield in upland rice when transferred through marker-assisted selection. Theor. Appl. Genet. 126:101–108.

Steele, K. A., D. S. Virka, R. Kumar, S. C. Prasad, and J. R. Witcombe. 2007. Field evaluation of upland rice lines selected for QTLs controlling root traits. Field Crops Res. 101:180–186.

Swamy, B. P. and A. Kumar. 2013. Genomics-based precision breeding approaches to improve drought tolerance in rice. Biotechnol. Adv. 31:1308–1318.

Thomson, M. J., M. D. Ocampo, J. Egdane, M. A. Rahman, A. Sajise, D. L. Adorada, E. Tumimbang-Raiz, E. Blumwald, Z. I. Seraj, R. K. Singh, G. B. Gregorio, and A. M. Ismail. 2010. Characterizing the *Saltol* quantitative trait locus for salinity tolerance in rice. Rice 3:148–160.

Toorchi, M., H. E. Shashidhar, T. M. Gireesha, and S. Hittalmani. 2003. Performance of backcross involving trangressant doubled haploid lines in rice under contrasting moisture regimes. Crop Sci. 43:1448–1456.

Uga, Y., K. Sugimoto, S. Ogawa, J. Rane, M. Ishitani, N. Hara, Y. Kitomi, Y. Inukai, K. Ono, N. Kanno, H. Inoue, H. Takehisa, R. Motoyama, Y. Nagamura, J. Wu, T. Matsumoto, T. Takai, K. Okuno, and M. Yano. 2013. Control of root system architecture by deeperrooting 1 increases rice yield under drought conditions. Nat. Genet. 45:1097–1102.

Venuprasad, R., M. T. Sta Cruz, M. Amante, R. Magbanua, A. Kumar, and G. N. Atlin. 2008. Response to two cycles of divergent selection for grain yield under drought stress in four rice breeding populations. Field Crops Res. 107:232–244.

Wu, Y. P. 2013. Drought tolerant rice lines by screening an 'IR64' mutant stock. J. Taiwan Agric. Res. 62:195–208. (in Chinese with English abstract)

Xu, Y. and J. H. Crouch. 2008. Marker-assisted selection in plant breeding: From publications to practice. Crop Sci. 48:391–407.

Yoshida, S., D. A. Forno, J. H. Cook, and K. A. Gomez. 1976. Laboratory Manual for Physiological Studies of Rice. International Rice Research Institute. Los Banos. 82 pp.

Yu, K., S. J. Park, and V. Poysa. 2000. Marker-assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight: Efficacy and economics. Plant Breed. 119:411–415.

Zhou, S. X., F. Tian, Z. F. Zhu, Y. C. Fu, X. K. Wang, and C. Q. Sun. 2006. Identification of quantitative trait loci controlling drought tolerance at seedling stage in Chinese Dongxiang common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). Acta Genet. Sin. 33:551–558.

Increasing Drought Tolerance of Aroma Rice 'CNY911303' Using Marker-Assisted Selection

Chieh-Wei Kuo[1], Keung-Hung Lin[2], Yong-Pei Wu[3], Yann-Rong Lin[4], Jen-Hao Hsu[2], and Yu-Chia Hsu[5,*]

Abstract

Kuo, C. W., K. H. Lin, Y. P. Wu, Y. R. Lin, J. H. Hsu, and Y. C. Hsu. 2015. Increasing drought tolerance of aroma rice 'CNY911303' using marker-assisted selection. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):299–316.

To introgress the gene(s) conferring drought-tolerance to the Taiwanese aromatic *japonica* line 'Tainung-Chianung-yu 931103' ('CNY911303'), the drought-tolerant variety 'Hang-yu 15' ('HY15') was used as a donor parent crossed to 'CNY911303'. Four backcrossings were conducted and the progenies of each backcross generation BC_xF_1 were screened for drought tolerance by the treatment of 28% PEG-6000 solution and consequently selected by molecular markers to recover the recurrent parent's genome. The percentages of recurrent parent recovery within selected individuals were 74.1, 87.7, 95.9, and 96.6% in BC_2F_1, BC_3F_1, BC_4F_1, and BC_4F_2 respectively. The 'HY15', 'CNY911303' and four BC_4F_4 drought-tolerant lines were further evaluated for drought tolerance under the treatment of 28% PEG-6000 at three-leaf, five-leaf, and seven-leaf stages. The four BC_4F_4 lines exhibited higher tolerance to drought stress than the recurrent parent, implying that the drought-tolerant characteristic of 'HY15' was successfully transferred to 'CNY911303' using marker assisted selection (MAS). In addition, 4 drought-tolerant BC_4F_4 lines were evaluated for grain yields. Among them, 'DT73', 'DT85', and 'DT86' have significant better yield than 'CNY911303', and 'DT73' produced more than 5,000 kg per hectare, indicating that these three drought-tolerant lines can be grown in fields underwater saving cultivation system. These drought-tolerant lines will be registered as new aromatic rice varieties for water-saving rice production in Taiwan in the future.

Key words: Marker-Assisted Selection (MAS), Drought tolerance, Rice.

Received: January 26, 2015; Accepted: May 10, 2015.
[*] Corresponding author, e-mail: oiupeppen@yahoo.com.tw
[1] Assistant Professor, Department of Agronomy, National Chiayi University, Chiayi, Taiwan, ROC.
[2] Graduate students, Department of Agronomy, National Chiayi University, Chiayi, Taiwan, ROC.
[3] Associate Research Fellow, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.
[4] Associate Professor, Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.
[5] Research Assistant, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):317–329 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.06

研究報告

穀粒充實期間氣象因子對「台稉 9 號」產量與米質性狀之影響

何佳勳[1] 楊純明[2,*] 蕭巧玲[1] 賴明信[3]

摘要

何佳勳、楊純明、蕭巧玲、賴明信。2015。穀粒充實期間氣象因子對「台稉 9 號」產量與米質性狀之影響。台灣農業研究 64(4):317–329。

本研究於 2008–2012 年在行政院農委會農業試驗所農場 (台中市霧峰區) 進行 5 年期間上、下半年稻作之節氣栽植，每年以立春/大暑為中心前後各推延 2 個節氣之 10 次水稻栽植期，5 年總計 49 個栽植期。本研究試材為「台稉 9 號」(‘TK9’)，試驗期間收集試區鄰近一級農業氣象測站氣象測值之日均溫 (DMAT)、日最高溫 (DMAXAT)、日最低溫 (DMINAT)、日照時數 (DSH) 及日射量 (DIR) 等 5 項氣象因子，計算穀粒充實期間之測值累加值 (即 ADMAT、ADMAXAT、ADMINAT、ADSH、ADIR) 及其等平均值 (即 MDMAT、MDMAXAT、MDMINAT、MDSH、MDIR)，合計 49 個栽植期之各 49 組參數值，據以分析氣象變數對「台稉 9 號」產量與米質性狀之效應。經由相關分析結果顯示，上半年的白米粗蛋白質含量及白度與 ADMAT、ADMAXAT 及 ADMINAT 呈極顯著正相關，而直鏈性澱粉和透明度則與此 3 項溫度變數呈極顯著負相關。進一步利用複回歸分析之逐步選擇法，亦顯示穀粒充實期間累加溫度變數乃為影響米質性狀表現之重要氣象因子，惟其影響權重會因為上、下半年栽植期的氣象環境不同而有所差異。又由複回歸分析顯示，產量與 3 項平均溫度變數 (MDMAT、MDMAXAT 及 MDMINAT) 皆分別呈現凸二次曲線關係，上半年栽植期於穀粒充實期階段之 MDMINAT 近於 22.5℃、MDMAT 近於 26℃、MDMAXAT 近於 31℃時，而下半年則分別為 MDMINAT 近於 20℃、MDMAT 近於 24℃、MDMAXAT 近於 29℃時，可獲得最大穀粒產量。又由米質性狀與 3 項平均溫度變數之複回歸分析，發現白米的粗蛋白質和白度與平均溫度之間具有凹二次曲線關係，而直鏈性澱粉和透明度則與平均溫度之間呈凸二次曲線關係，其中以上半年的變化幅度較為顯著。綜合試驗結果，可知溫度變數為影響「台稉9號」產量及米質性狀之重要氣象因子，從該品種主要栽植地區 (如苗栗、台中、彰化及雲林) 之氣溫歷史資料及上述試驗結果分析，發現上半年的一期稻作穀粒充實期間最適月份落在 5 月份，而二期稻作則落在 10 月份。進一步推算這些地區栽植適期，則上半年的一期作栽植適期為立春前 15 d，下半年的二期作則為大暑後 15 d。

關鍵詞：節氣、立春、大暑、日均溫、日最高溫、日最低溫。

前言

水稻為台灣栽種面積最廣的糧食作物，且稻米亦為國人傳統主食，在國內糧食安全上扮演重要角色。近年來在快速的氣候變遷情境下，全球地表平均氣溫呈現上升現象，也造成降雨型態紊亂失序、極端天氣事件發生頻率升高、乃至於形成海平面的升高，對於農業生產及生物多樣性帶來嚴重的威脅，水稻生產亦無例外受到影響。依據研究結果發現，當夜

投稿日期：2015 年 6 月 1 日；接受日期：2015 年 7 月 7 日。
* 通訊作者：cmyang@tari.gov.tw
1 農委會農業試驗所作物組助理研究員。台灣 台中市。
2 農委會農業試驗所作物組研究員兼組長。台灣 台中市。
3 農委會農業試驗所作物組副研究員。台灣 台中市。

溫增加 1℃可使水稻產量減少約 10%，且水稻於分蘗期間若遭逢高溫環境將減少分蘗數而降低每株穗數，若係發生於敏感的抽穗開花期及隨後的穀粒充實期，將可能影響穎花的發育及授粉而增加不稔實率 (Liu *et al*. 1984; Zakaria *et al*. 2002; Peng *et al*. 2004; Oh-e *et al*. 2007; Mohammed & Tarpley 2010; Xiao *et al*. 2011)。然而，有關穀粒充實期間溫度高低起伏對稻穀生產及米質的相對影響，尚缺乏系統性的探討，而且日均溫、日最高溫及日最低溫之間的連動關係，以及一、二期作間的差異，亦未臻清楚釐清。

隨著社會發展和生活水準提升，國人對米食需求已由吃得飽、吃得好進展至吃的安全與吃出健康的高標境界。「台稉 9 號」(‘Taikeng No. 9’; ‘TK 9’) 由行政院農委會台中區農業改良場選育命名以來，由於其米粒透明飽滿、粒型整齊且口感佳，深受消費者普遍喜愛，因此在 2005–2013 年間被廣泛列為優質水稻品種之對照組 (Hsu & Sung 1993)，此品種已遍布全台，2013 年全台栽培面積仍達 9,000 ha，尤以彰化 (2,518 ha)、雲林 (2,409 ha)、南投 (1,176 ha) 及苗栗 (997 ha) 等地為其主要栽植地區。惟目前此水稻品種對於氣象環境的適應性尚未有完整研究，在現行溫暖化趨勢下的質量表現也不盡明確，有待吾人深入究明。

國內對於「米質」意涵未有標準定義，一般常指稱由 4 個主要的性狀所構成，即碾米特性、米粒外觀、營養成分及烹調品質等，而個別性狀皆會影響整體米粒品質、米飯口感及營養價值。米粒外觀屬於物理性特徵，通常包括粒形、透明度 (transparency) 及白度 (whiteness) 等，營養成分則端視內在化學組成而異，牽涉到蛋白質、脂肪酸、澱粉、維生素、礦物質及水分等各種成分 (Kim *et al*. 1994; Hong *et al*. 2000b; Hsu *et al*. 2000; Choi 2002)。蛋白質含量是稻米營養價值的重要指標之一，惟其含量高低又與米飯食味品質有密切關係，高蛋白質含量將降低米飯的黏性與彈性，增加米粒的硬度。因此，過高的蛋白質含量，將使米飯食味品質轉差、口感不佳 (Zhang *et al*. 2001; Shen *et al*. 2003)。一般水稻穀粒中的粗蛋白質含量約占 5–12%，其中約有 90% 以上為貯藏性蛋白質，而這些蛋白質依溶解性不同可區分成 4 種，分別為水溶性蛋白質 (albumins)、鹽溶性蛋白質 (globulins)、醇溶性蛋白質 (prolamins) 及鹼溶性蛋白質 (glutelins)，後兩者約占 85% 的貯藏性蛋白質含量，乃稻米中主要的蛋白質成分。文獻資料指出，除了稻株生育中增施氮肥將會影響穀粒蛋白質含量之外 (Akram *et al*. 1985; Petroudi *et al*. 2011)，穀粒充實期間遭遇高溫環境將會促使穀粒中的粗蛋白質含量增加，特別又以醇溶性及鹼溶性蛋白質增加最為顯著 (Liang *et al*. 2011; Liang *et al*. 2013; Liu *et al*. 2013)。醇溶性蛋白質之人體必需胺基酸含量較低，營養價值相對不高，鹼溶性蛋白質則含有較多的離胺酸 (lysine)、精胺酸 (arginine)、甘胺酸 (glycine) 等必需胺基酸，為米粒中主要的蛋白質營養來源，且鹼溶性蛋白質相較於醇溶性蛋白質比較容易被分解消化。Hong *et al*. (2000a) 研究報告指出，鹼溶性蛋白質含量高低，不會顯著影響稉稻的食味良劣，但醇溶性蛋白質含量增加，則會顯著降低稉稻的食味品質。研究另也指出，穀粒充實期間遭遇高溫環境時，將會減少同化物質供應至水稻穀粒中並縮短穀粒有效充實期，導致穀粒重量下降 (Matsui *et al*. 2001; Kobata & Uemuki 2004)。又抽穗至穀粒成熟期間處於高溫環境時，將使白堊質比例增加、完整米粒減少，進而造成米粒外觀及碾米品質下降 (Counce *et al*. 2005; Yamakawa *et al*. 2007; Cooper *et al*. 2008; Liu *et al*. 2013)。

綜合文獻報告，可歸結出稻米品質與產量容易受到氣象環境影響的推論，尤其在抽穗至收穫期間的穀粒充實期更是決定產量與米質的關鍵時期。此外，根據大氣觀測資料顯示，在過去 1880–2012 年的百餘年間，全球陸域與海域表面的平均溫度已上升了 0.85℃，再由大氣循環預測模式的推估，2081–2100 年的全球地表平均溫度將會提高 0.3–1.7℃ (IPCC 2013)。據此，吾人勢必及早針對溫度的升高趨勢進行因應並謀求解決對策，期以能減緩全球暖化對水稻生產所造成的衝擊，以達到穩定稻米產量及維持稻米品質之目的。本文研究在近 5 年期

間內進行「台梗 9 號」合計多達 49 個田間栽植期試驗，探討穀粒充實期間氣象環境變化對其產量與米質之影響，尤其關注氣溫效應，期以有助於未來暖化因應策略及栽培管理措施的調適。

材料與方法

田間栽培與管理

本研究於台中市霧峰區之行政院農委會農業試驗所農場實施田間栽培試驗，試驗期間自 2008 年 1 月起至 2012 年 8 月止共計進行 49 個栽植期 (作季)。栽植設計採用節氣栽植方式，上半年栽植期以立春 (‘Lichun’ or start of spring; SS)、下半年栽植期以大暑 (‘Dashu’ or major heat; MH) 為中心節氣，分別在兩節氣前後各 15 d (1 個節氣) 及 30 d (2 個節氣) 實施插秧，一年合計 10 個節氣栽植期。換言之，每年之上半年有立春前 30 d (SS – 30)、立春前 15 d (SS – 15)、立春 (SS)、立春後 15 d (SS + 15)、立春後 30 d (SS + 30) 等 5 個栽植期，下半年則有大暑前 30 d (MH – 30)、大暑前 15 d (MH – 15)、大暑 (MH)、大暑後 15 d (MH + 15)、大暑後 30 d (MH + 30) 等 5 個栽植期。

本試驗選用優良水稻品種「台梗 9 號」(*Oryza sativa* L. cv. ‘Taikeng 9’) 為試材，並於水稻抽穗至收穫之間的穀粒充實期，分別收集鄰近農業試驗所一級農業氣象測站之日均溫 (DMAT)、日最高溫 (DMAXAT)、日最低溫 (DMINAT)、日照時數 (DSH) 及日射量 (DIR) 等 5 項氣象因子測值，計算每個栽植期在此期間之累加值，即累加日均溫 (ADMAT)、累加日最高溫 (ADMAXAT)、累加日最低溫 (ADMINAT)、累加日照時數 (ADSH) 及累加日射量 (ADIR) 等 5 項氣象變數，同時計算其等之平均值，即平均日均溫 (MDMAT)、平均日最高溫 (MDMAXAT)、平均日最低溫 (MDMINAT)、平均日照時數 (MDSH) 及平均日射量 (MDIR) 等 5 項氣象變數，接著分析這些氣象變數對「台梗 9 號」產量與米質性狀之效應。

各栽植期之田間栽培採一致性管理作業，將育苗至 3–4 葉齡秧苗以南北向多本植插於試驗田區並採密植栽培密度，行株距為 0.3 m × 0.15 m，每 1 試區面積為 0.1 ha (50 m × 20 m)。田區土壤呈偏酸性 (pH 5.36)，有機質含量約 2.21%，在肥料施用上各栽植期皆施予 4 次化學肥料。基肥施用於插秧前 1 wk，以台肥 39 號複合肥料 (粒劑，12% N，台灣肥料股份有限公司，高雄市) 施用 200 kg ha^{-1}；第 2 次肥料施用於插秧後 1–2 wk，以台肥硫銨 (粒劑，21% N) 用量 200 kg ha^{-1}；第 3 次肥料施用於插秧後 4–5 wk，以台肥硫銨用量 200 kg ha^{-1}；第 4 次為穗肥，施用於抽穗前 1–2 wk，以台肥 39 號複合肥料用量 100 kg ha^{-1}，合計約 120 kg ha^{-1} 的氮素。在雜草管理方面，插秧後即施用 30 kg ha^{-1} 的 8% 丁拉殺丹粒劑，又於插秧後 3–4 wk 於第 2 次肥料施用前實施人工除草 1 次。病蟲害管理視田間發生情況而定，福壽螺防治以 100 kg ha^{-1} 苦茶粕處理 1–2 次；紋枯病及白葉枯病乃分別施用 3% 維利黴素溶液及 10% 克枯爛可濕性粉劑千倍稀釋液；瘤野螟及二化螟蟲施以 30 kg ha^{-1} 的 6% 培丹粒劑；其他害蟲發生另施用 40% 加保伏水懸劑 1.2 L ha^{-1} 千倍稀釋液。

產量與米質分析

各栽植期皆在達收穫時割取 3 個 10 m^2 小區產量 (約 220 株水稻植株)，取 3 重複之平均值表示。割取的穀粒經風選後以 40℃烘乾超過 72 h，於穀粒水分維持在 12–13% 時秤取烘乾穀粒產量，並以此材料進行米質之各項分析 (Hsiao *et al*. 2009)。穀粒先碾除稻殼為糙米 (brown rice)，再碾除糠層為白米 (milled rice；或稱精米)。精米粒的光澤亮度以多功能精米碾白計 (model MM1C milling meter, Satake Co., Japan) 測量米粒之透明度及白度。糙米及精米粒之化學組成，則以近紅外線米粒測計 (model AN-820 near infrared grain tester, Kett Co., Japan) 分析，經由內建校正曲線估測稉型稻糙米之粗蛋白質、直鏈性澱粉及游離脂肪酸以及精米之粗蛋白質、直鏈性澱粉等含量。

「台稉 9 號」主要產地之氣象資料收集

本試驗收集「台稉 9 號」主要栽植地區苗栗縣、台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣之農業氣象資料，此 4 個區域選用之一級農業氣象測站分別為行政院農委會農業試驗所 (台中市霧峰區)、苗栗區農業改良場 (苗栗縣公館鄉)、台中區農業改良場 (彰化縣大村鄉) 及台南區農業改良場之雲林分場石溪 (雲林縣斗南鎮) 等，氣象資料收集期間自 1993 年 1 月起至 2013 年 12 月止共計 20 年之每月平均日均溫。

統計分析與繪圖

上列量測之產量與米質性狀皆以試區均值表示，試驗資料之統計分析 (如相關分析、回歸分析、最小顯著性分析等) 係利用 SAS Enterprise Guide 統計軟體 (version 4.1)，而統計繪圖則使用 SPSS 公司之 SigmaPlot 軟體 (version 10.0)。

結果

將本試驗收穫稻穀碾製成白米之米質性狀與穀粒充實期間氣象變數進行相關分析 (表 1)，發現上半年栽植期之白米粗蛋白質與累加日均溫 (ADMAT)、累加日最高溫 (ADMAXAT) 及累加日最低溫 (ADMINAT) 之間皆呈現極顯著正相關，而白米直鏈性澱粉則與此 3 項溫度變數呈現極顯著負相關。又白米白度與此 3 項溫度變數及累加日射量 (ADIR) 之間呈現顯著或極顯著正相關，惟白米透明度與 5 項累加氣象變數之間皆呈現顯著或極顯著負相關；即隨著穀粒充實期間之累加溫度升高，會使白米化學組成之粗蛋白質增加而直鏈性澱粉減少，且亦會造成白米白堊質上升而透明度下降。除了累加溫度變數之外，累加日照時數 (ADSH) 及累加日射量 (ADIR) 亦會影響白度及透明度的表現。下半年栽植期之白米粗蛋白質與 5 項累加氣象變數之間皆未達顯著差異，其餘 3 項米質性狀 (直鏈性澱粉、白度及透明度) 與氣象變數之間的相關性結果均與上半年栽植期表現相近。

藉由穀粒產量與穀粒充實期間累加值氣象變數的複回歸分析，結果如表 2，在上半年 24 個栽植期之穀粒產量與此 5 項氣象變數達顯著水準 (R^2 = 0.500, P = 0.020)，其中又以 ADMAT、ADMAXAT、ADMINAT 及 ADSH 等 4 項氣象變數對產量影響較為顯著；而下半年 25 個栽植期產量則未與此 5 項氣象變數達

表 1. 水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間 5 項累加值氣象變數與白米米質性狀之相關分析。

Table 1. Correlation analysis for rice quality traits with five climatic variables from heading to harvest in rice cultivar ‘TK9’ grown in 24 cropping seasons in the first-half years and 25 cropping seasons in the second-half years in 2008–2012.

Rice quality trait	ADMAT[z]	ADMAXAT	ADMINAT	ADSH	ADIR
The first-half year (n = 24)					
Crude protein	0.531**	0.565**	0.518**	0.294	0.235
Amylose	-0.689**	-0.664**	-0.714**	-0.307	-0.387
Whiteness	0.770**	0.751**	0.803**	0.263	0.501*
Transparency	-0.656**	-0.651**	-0.651**	-0.474*	-0.536**
The second-half year (n = 25)					
Crude protein	0.013	0.014	0.017	-0.280	-0.257
Amylose	-0.787**	-0.730**	-0.800**	-0.427*	-0.328
Whiteness	0.576**	0.585**	0.552**	0.167	0.498*
Transparency	-0.563**	-0.476*	-0.606**	-0.362	-0.043

[z] ADMAT: accumulated daily mean air temperature; AMDAXAT: accumulated daily maximum air temperature; ADMINAT: accumulated daily minimum air temperature; ADSH: accumulated daily sunshine hours; ADIR: accumulated daily irradiance.
*: significant at 0.05 probability level; **: significant at 0.01 probability level.

表 2. 水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間 5 項累加值氣象變數與穀粒產量之複回歸分析。

Table 2. The multiple regression equations for grain yield with five climatic variables from heading to harvest in rice cultivar ‘TK9’ grown in 24 cropping seasons in the first-half years and 25 cropping seasons in the second-half years in 2008–2012.

Climatic variable	Regression coefficient	*P* > | t |	Model R^2	Model P of F
The first-half years (*n* = 24)				
Intercept	5.045	0.056	0.500	0.020
ADMAT[z]	0.320**	0.002		
ADMAXAT	-0.123**	0.006		
ADMINAT	-0.192**	0.003		
ADSH	-0.060**	0.005		
ADIR	0.007	0.100		
The second-half years (*n* = 25)				
Intercept	3.492	0.443	0.203	0.461
ADMAT	-0.017	0.658		
ADMAXAT	0.021	0.256		
ADMINAT	-0.003	0.871		
ADSH	-0.011	0.404		
ADIR	-0.003	0.524		

[z] ADMAT: accumulated daily mean air temperature; AMDAXAT: accumulated daily maximum air temperature; ADMINAT: accumulated daily minimum air temperature; ADSH: accumulated daily sunshine hours; ADIR: accumulated daily irradiance.
*: significant at 0.05 probability level; **: significant at 0.01 probability level.

到顯著水準。進一步利用複回歸分析之逐步選擇法探討米質性狀與 5 項累加氣象變數間之關聯程度，由表 3 結果可見，在上半年 24 個栽植期之白米粗蛋白質受到 ADMAT、ADMAXAT 及 ADMINAT 等 3 項變數的影響達到極顯著 (model R^2 = 0.695, P < 0.001)，其中以 ADMAXAT (partial R^2 = 0.319) 及 ADMINAT (partial R^2 = 0.268) 之權重較大；直鏈性澱粉僅受到單一 ADMINAT 變數的影響達到極顯著水準 (model R^2 = 0.510, P < 0.001)，白度受到 ADMAT、ADMAXAT、ADMINAT 及 ADSH 等 4 項氣象變數影響較為顯著 (model R^2 = 0.767, P < 0.001)，又以 ADMINAT (partial R^2 = 0.644) 之權重最大，透明度則僅受到 ADMAT 影響達極顯著水準 (model R^2 = 0.431, P < 0.001)；在下半年 25 個栽植期之白米直鏈性澱粉分析結果與上半年相同，受到單一 ADMINAT 變數影響其含量變化 (model R^2 = 0.639, P < 0.001)，而下半年 ADMINAT 影響權重高於上半年，白度與 ADMAXAT、ADSH 及 ADIR 等 3 項變數達到極顯著水準 (model R^2 = 0.560, P < 0.001)，其中以 ADMAXAT (partial R^2 = 0.342) 具有較高的權重，而透明度則與 ADMAXAT、ADMINAT、ADSH 及 ADIR 等 4 項變數達到極顯著 (model R^2 = 0.644, P < 0.001)，又以 ADMINAT (partial R^2 = 0.368) 之權重最大。綜合上述複回歸分析得知，溫度變數乃為影響本研究「台稉 9 號」產量及米質性狀之重要氣象因子。

為釐清穀粒充實期間平均溫度變數對產量及米質性狀之影響，乃繼續針對另 3 項平均溫度變數 (MDMAT、MDMAXAT 及 MDMINAT) 進一步探討其等與產量及米質性狀之關係。由所繪製之回歸趨勢圖，在上半年栽植期之穀粒產量與此 3 項平均溫度變數之間呈現極顯著的二次曲線關係，惟下半年栽植期則未達顯著性 (圖 1)。上半年栽植期當 MDMINAT 近於 22.5℃、MDMAT 近於 26.0℃、MDMAXAT 近於 31.0℃，下半年栽植期則分別 MDMINAT

表 3. 水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間 5 項累加值氣象變數與白米米質性狀之複回歸逐步選擇法分析。

Table 3. The multiple regression equations using stepwise selection for rice quality traits of milled rice with five climatic variables from heading to harvest in rice cultivar ‘TK9’ grown in 24 cropping seasons in the first-half years and 25 cropping seasons in the second-half years in 2008–2012.

Rice quality trait	Climatic variable	Regression coefficient	$P > \| t \|$	Partial R^2	Model R^2	Model P of F
The first-half years (*n* = 24)						
Crude protein	Intercept	-0.760	0.643		0.695	< 0.001
	ADMAT[z]	-0.236**	< 0.001	0.108		
	ADMAXAT	0.129**	< 0.001	0.319		
	ADMINAT	0.104**	< 0.001	0.268		
Amylose	Intercept	22.995**	< 0.001		0.510	< 0.001
	ADMINAT	-0.005**	< 0.001	0.510		
Whiteness	Intercept	6.776	0.328		0.767	< 0.001
	ADMAT	-0.660*	0.011	0.044		
	ADMAXAT	0.246*	0.032	0.050		
	ADMINAT	0.457**	0.003	0.644		
	ADSH	0.055	0.144	0.029		
Transparency	Intercept	6.555**	< 0.001		0.431	< 0.001
	ADMAT	-0.004**	< 0.001	0.431		
The second-half years (*n* = 25)						
Crude protein	Intercept	n.a.[y]	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
Amylose	Intercept	23.061**	< 0.001		0.639	< 0.001
	ADMINAT	-0.004**	< 0.001	0.639		
Whiteness	Intercept	26.600**	< 0.001		0.560	< 0.001
	ADMAXAT	0.014**	0.003	0.342		
	ADSH	-0.048**	0.008	0.065		
	ADIR	0.016*	0.013	0.153		
Transparency	Intercept	5.609**	< 0.001		0.644	< 0.001
	ADMAXAT	0.004*	0.039	0.086		
	ADMINAT	-0.007**	0.001	0.368		
	ADSH	-0.011**	0.004	0.112		
	ADIR	0.003**	0.008	0.078		

All variables left in the model are significant at the 0.150 level.
[z] ADMAT: accumulated daily mean air temperature; AMDAXAT: accumulated daily maximum air temperature; ADMINAT: accumulated daily minimum air temperature; ADSH: accumulated daily sunshine hours; ADIR: accumulated daily irradiance.
[y] n.a.: no variable met the 0.150 significance level for entry into the model.
*: significant at 0.05 probability level; **: significant at 0.01 probability level.

近於 20.0℃、MDMAT 近於 24.0℃、MDMAXAT 近於 29.0℃時，可獲得較高之穀粒產量，但隨著溫度持續升高則會使產量逐漸下降。

白米化學組成中的粗蛋白質及直鏈性澱粉與此 3 項平均溫度變數 (MDMINAT、MDMAT 及 MDMAXAT) 之回歸關係，繪製於圖 2。在上半年栽植期，此 3 項平均溫度變數與白米粗蛋白質及直鏈性澱粉皆呈現顯著二次曲線關係，穀粒充實期間當高於臨界溫度後，白米粗蛋白質含量會隨著溫度增加而上升，直鏈性澱粉含量則隨著溫度升高而下降；在下半年栽植期，此 3 項平均溫度變數與白米粗蛋白

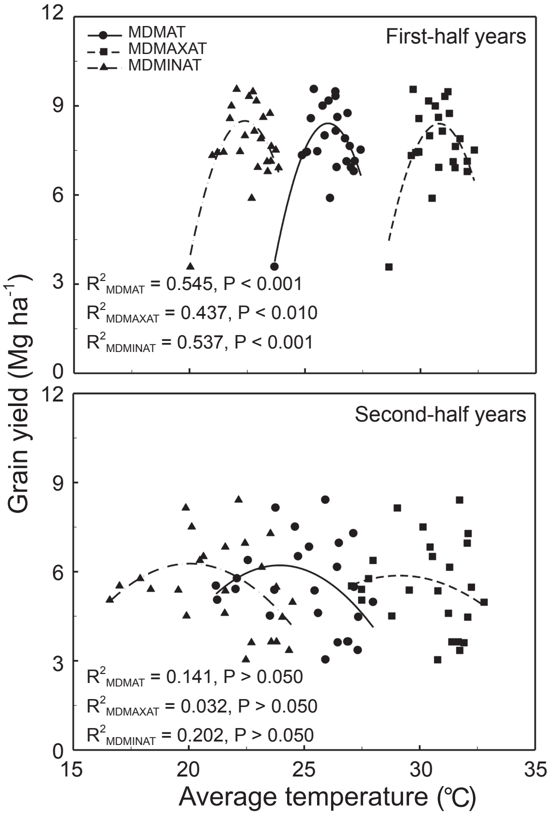

圖 1. 水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間平均日均溫、日最高溫及日最低溫與穀粒產量之曲線關係。

Fig. 1. Changes in grain yield to the average values of daily mean air temperature (MDMAT), daily maximum air temperature (MDMAXAT) and daily minimum air temperature (MDMINAT) calculated from heading to harvest in the first-half and second-half years of rice cultivar 'TK9' grown in the cropping seasons of 2008–2012.

質之間則未達顯著水準，而與白米直鏈性澱粉則呈極顯著二次曲線負相關，其表現趨勢與上半年結果相近。白米白度、透明度與 3 項平均溫度變數之複回歸分析結果 (圖 3)，可發現在上半年栽植期之 3 項平均溫度變數與白米白度及透明度皆呈極顯著二次曲線關係，白度隨著平均溫度升高而逐漸增加，透明度的表現趨勢則相反；在下半年度，透明度與此 3 項平均溫度變數之表現亦和上半年有相同趨勢，惟白度除了與 MDMAXAT 達極顯著差異之外，與其餘 2 項平均溫度變數 (MDMAT 及 MDMINAT) 皆未達顯著水準。

在穀粒產量部分，本研究整理「台稉 9 號」近 5 年不同節氣栽植期試驗之產量變異資料，經最小顯著性測驗分析結果如圖 4。由圖可知，在上、下半年分別以 SS – 15 及 MH + 15 兩節氣栽植期有較高之穀粒產量，而 SS – 30 及 MH – 30 兩節氣栽植期之產量皆顯著最低。另由上述試驗結果發現，上、下半年栽植期以穀粒充實期間之平均日均溫 (MDMAT) 分別近於 26℃及 24℃時可獲得較高之穀粒產量，作者乃因此收集與比較國內「台稉 9 號」主要栽植地區 (如苗栗縣、台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣) 氣象站之氣溫資料，並統計 4 個地區於 1993–2013 年每月之平均日均溫，期以反推估各地區之「台稉 9 號」最適栽植期。由圖 5 結果顯示，若以上半年 26℃為最佳產量之溫度條件，則台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣等 3 個地區在 5 月份期間之 MDMAT 分別為 25.8℃、25.7℃及 25.9℃，較接近此溫度範圍，而苗栗縣溫度則偏低 (近於 24.9℃)，6–9 月之 MDMAT 將皆會超過 27℃，顯示穀粒充實期若在此月份可能會有減產風險；這些地區在下半年以 24℃為最佳溫度條件，據此穀粒充實期以 10 月份為最適溫度範圍。

討論

已知水稻穀粒產量及米質除了受到品種特性影響之外，與外界環境之間存在密切關聯性，且以溫度因子之影響權重最大 (Lee *et al*. 2009; Ho *et al*. 2012, 2013)。因此，本研究以立春與大暑為栽植中心期進行 5 年多達 49 個栽植期的節氣栽培試驗，並收集各個栽植期由抽穗至收穫期間之氣象因子測值，藉以探討關鍵的穀粒充實期間氣象環境對「台稉 9 號」穀粒產量及米質表現之效應。由於台灣處於熱帶及亞熱帶交界地區，且本試驗材料於抽穗至收穫期間之日均溫均高於水稻生長之基礎溫度以上 (一般以 10℃為其基礎溫度) (Tang *et al*. 2009; Sandhu *et al*. 2013)，本試驗因而未使用生育積溫作為分析之氣象變數。首先經由相關分析結果，發現抽穗至收穫期間的 3 個累加溫

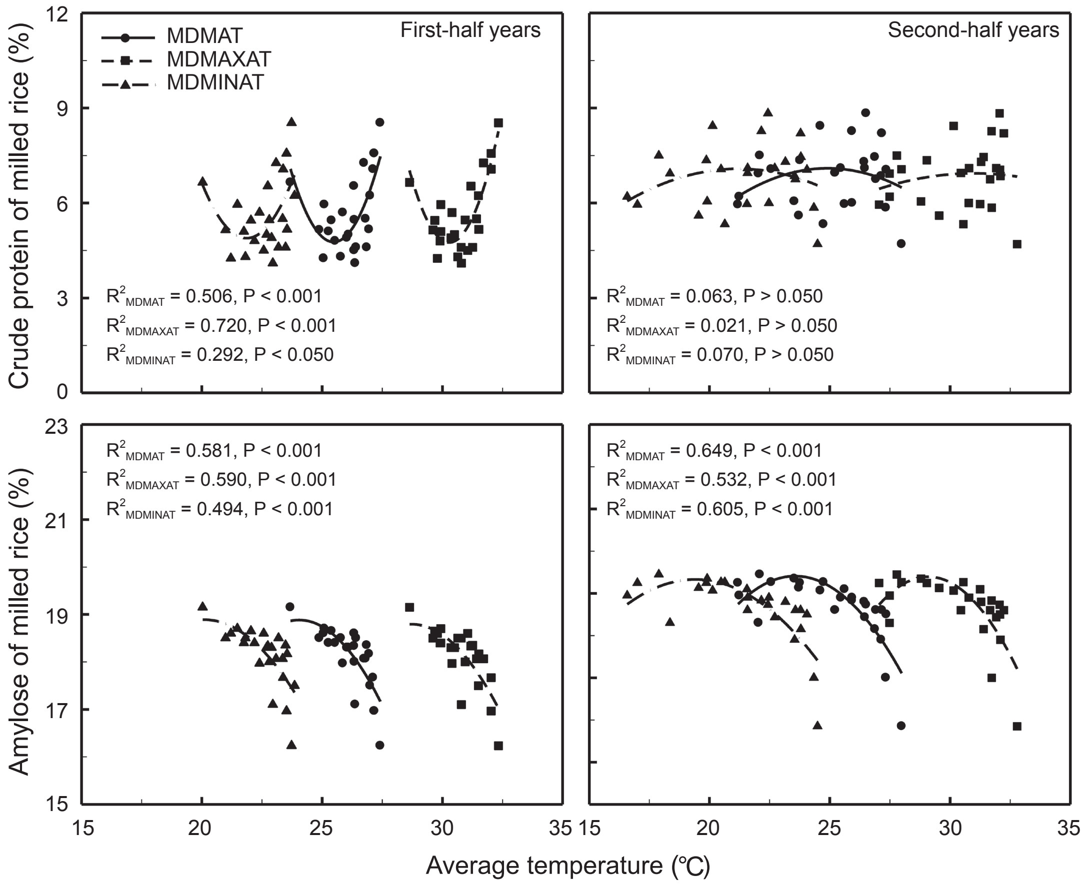

圖 2.　水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間平均日均溫、日最高溫及日最低溫與白米粗蛋白質、直鏈性澱粉之曲線關係。

Fig. 2.　Changes in crude protein and amylose of milled rice to the average values of daily mean air temperature (MDMAT), daily maximum air temperature (MDMAXAT) and daily minimum air temperature (MDMINAT) calculated from heading to harvest in the first-half and second-half years of rice cultivar 'TK9' grown in the cropping seasons of 2008–2012.

度變數 (ADMAT、ADMAXAT 及 ADMINAT) 與「台稉 9 號」的米質性狀具有較密切的相關；再由複回歸分析之逐步選擇法結果，亦顯示溫度變數確實會影響「台稉 9 號」的米質性狀表現，然而此 3 項溫度變數之影響權重會因為上、下半年栽植期的氣象環境不同而有所差異。台灣上半年的一期作水稻生育時期之溫度變化趨勢概由低溫至高溫，日照時數則由短日照至長日照，而下半年的二期作期間則相反。這樣的上、下半年稻作之氣象環境差異，將會影響水稻產量與品質表現，一如本試驗「台稉 9 號」結果，在其他水稻品種的研究亦有類似現象 (Chu & Lu 1984; Liu *et al*. 1984)。

Lur *et al*. (2006) 研究指出，穀粒成熟期之平均日均溫低於 26℃、平均日高溫低於 30℃、平均日低溫低於 22℃且日射量高於 13 MJ m^{-2} d^{-1} 環境下，可歸為生產台灣優良稻米的「安全環境」。本研究綜整「台稉 9 號」近 5 年之 49 個節氣栽植期資料，經分析穀粒充實期間 3 項平均溫度變數 (MDMAT、MDMAXAT 及 MDMINAT) 與產量之關係，進一步發現產量與各平均溫度變數之間可呈現凸二次曲線趨勢。以上半年栽植期而言，當 MDMINAT、MDMAT 及 MDMAXAT 近 於 22.5、26.0 及

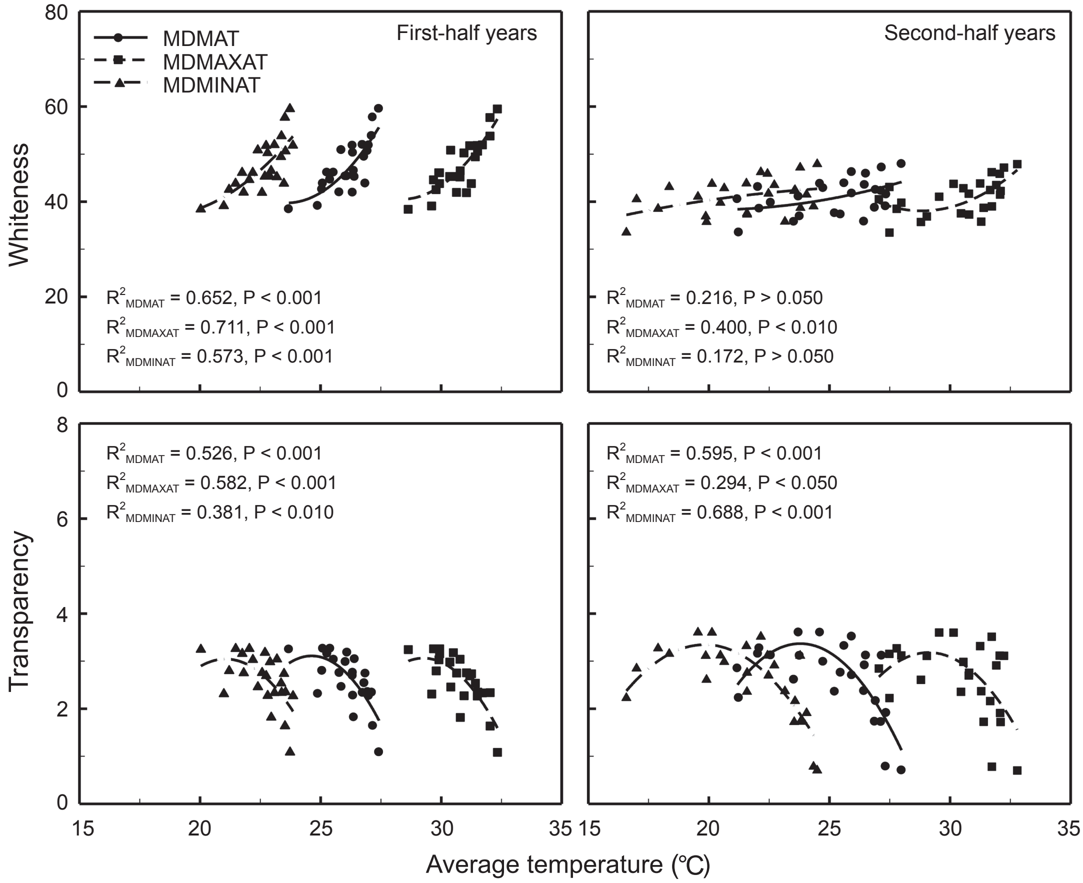

圖 3. 水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間合計 24 個上半年栽植期及 25 個下半年栽植期之抽穗至收穫期間平均日均溫、日最高溫及日最低溫與白米白度、透明度之曲線關係。

Fig. 3. Changes in whiteness and transparency of milled rice to the average values of daily mean air temperature (MDMAT), daily maximum air temperature (MDMAXAT) and daily minimum air temperature (MDMINAT) calculated from heading to harvest in rice cultivar 'TK9' grown in 24 cropping seasons in the first-half years and 25 cropping seasons in the second-half years in 2008–2012.

31.0℃時有最大穀粒產量，而下半年栽植期則在 MDMINAT、MDMAT 及 MDMAXAT 分別近於 20.0、24.0 及 29.0℃時可獲得最大產量，試驗數據與 Lur *et al*. (2006) 研究結果頗為相近。

此外，由「台稉 9 號」於抽穗至收穫期間 3 項平均溫度變數與米質性狀之趨勢關係，發現白米的粗蛋白質及白度與平均溫度變數之間具有凹二次曲線關係，而直鏈性澱粉及透明度則與平均溫度變數之間呈凸二次曲線關係。文獻研究資料亦指出，水稻於穀粒充實期間遭遇高溫環境將會使穀粒中的粗蛋白質含量及白堊質比例增加，而直鏈性澱粉及完整米粒減少，造成米粒外觀、碾米品質與食味品質下降 (Counce *et al*. 2005; Yamakawa *et al*. 2007; Cooper *et al*. 2008; Liu *et al*. 2013)。粗蛋白質含量增加又以鹼溶性及醇溶性蛋白質增加最為顯著，其中以醇溶性蛋白質含量增加將會顯著降低稉稻的食味品質 (Hong *et al*. 2000a; Liang *et al*. 2011; Liang *et al*. 2013; Liu *et al*. 2013)。除了氣象環境的效應，稻株生育中的氮肥施用量與稻米的粗蛋白質含量具有正相關，即隨著氮肥施用量增加將使得稻米的粗蛋白質含量增加而降低品質 (Akram *et al*. 1985; Petroudi *et al*. 2011)。

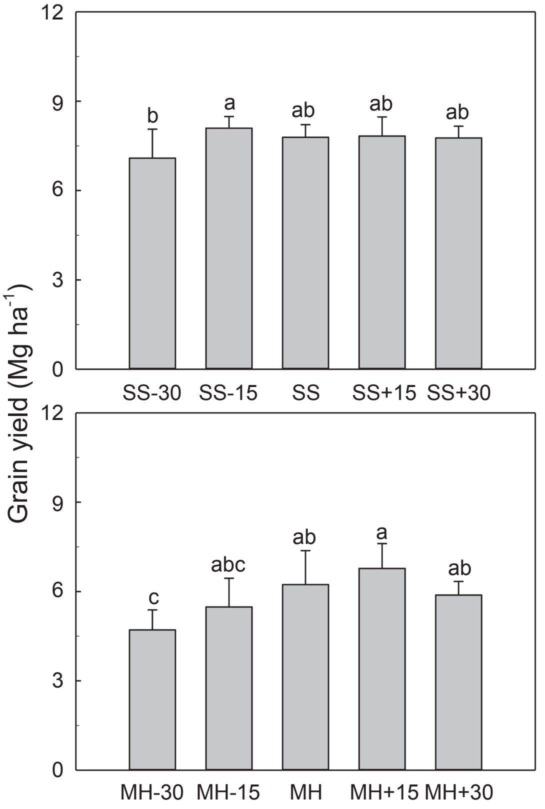

圖 4.　水稻「台稉 9 號」於 2008–2012 年期間在台中市霧峰區進行不同節氣栽植期試驗之產量變異資料。

Fig. 4.　Variations of grain yield in the first-half and the second-half years of rice cultivar ‘TK9’ grown in the cropping seasons of 2008–2012 in Wufeng District of Taichung City. Error bar is the standard error of mean (n = 15). Means with the same letter are not significantly different at 5% level by LSD test. SS: Lichun (literally ‘start of spring’ or ‘the first day of spring’). SS – 30 and SS – 15 are transplanting of rice seedlings at 30 and 15 days before Lichun; SS + 15 and SS + 30 are 15 and 30 days after the date of Lichun. MH: Dashu (literally ‘major heat’ or ‘first day of mid-summer’). MH – 30 and MH – 15 are transplanting of rice seedlings at 30 and 15 days before Dashu; MH + 15 and MH + 30 are 15 and 30 days after the date of Dashu.

分析各溫度變數與穀粒產量的曲線關係，在試驗期間的上半年栽植期，以 MDMINAT 介於 22.0–23.1℃、MDMAT 介於 25.4–26.7℃、MDMAXAT 介於 30.2–31.8℃時，可獲得最高產量 95–100%，即 1℃的變化區間相當於產量 5% 變異範圍。在下半年栽植期，MDMINAT 介於 20.0–21.0℃、MDMAT 介於 23.4–24.6℃、MDMAXAT 介於 29.1–30.5℃時，亦可收穫最高產量 95–100%。依此結果可知，「台稉 9 號」在一、二期稻作穀粒充實期間若能處於這些溫度範圍，則可維持穩定的稻米產量。由此結果檢視與比較「台稉 9 號」在主要栽植地區 (即苗栗縣、台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣等地) 之氣溫歷史資料，可篩檢出符合以上溫度區間的月份並推算栽植適期，俾發揮「台稉 9 號」的生產潛能。本文計算苗栗縣、台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣在 20 年期間 5 月份之氣溫平均值，分別為 24.9、25.8、25.7 及 25.9℃，而 10 月份之氣溫平均值則分別為 23.5、24.9、24.8及 24.7℃，又此 4 個地區在 6–9 月之氣溫平均值均會超過 27℃，故建議應當避免穀粒充實期落在這些氣溫過高的月份。整理上述資料，總結上半年的一期稻作穀粒充實期間最適月份當落在 5 月份，而二期稻作則當落在 10 月份。進一步回推栽植適期，則上半年一期稻作栽植適期為立春前 15 d (SS – 15)，下半年二期稻作栽植適期則為大暑後 15 d (MH + 15)，此推論恰與本研究在不同節氣栽植期之產量結果相吻合。因此，對於現行以立春為一期稻作、大暑為二期稻作之栽植適期的台中市霧峰區而言，為因應氣候暖化，勢必得調整其栽植適期，將一期稻作提前 1 個節氣至立春前 15 d (SS – 15)，二期稻作則延後 1 個節氣至大暑後 15 d (MH + 15)，如此當可提高其獲得高產潛能的機會。

由此研究結果，不僅驗證了水稻在不同生育階段中將受到氣象環境的影響，以及穀粒充實期間氣象環境對最終產量與米質的密切關聯，更確認了在溫暖化情境下調整栽植期作為調適策略的可行性與必要。水稻生產者若能釐清當地氣象變數對稻株生長及穀粒產量與米質性狀的關係 (Lack *et al*. 2012)，尤其是關鍵的穀粒充實期，並據以選擇合適的栽植地區及調整栽植期，則可避免或降低暖化現象及其衍生極端天氣事件對水稻生育與生產的負面作用，有效穩定水稻的生產質量，而有利於維持糧食安全。

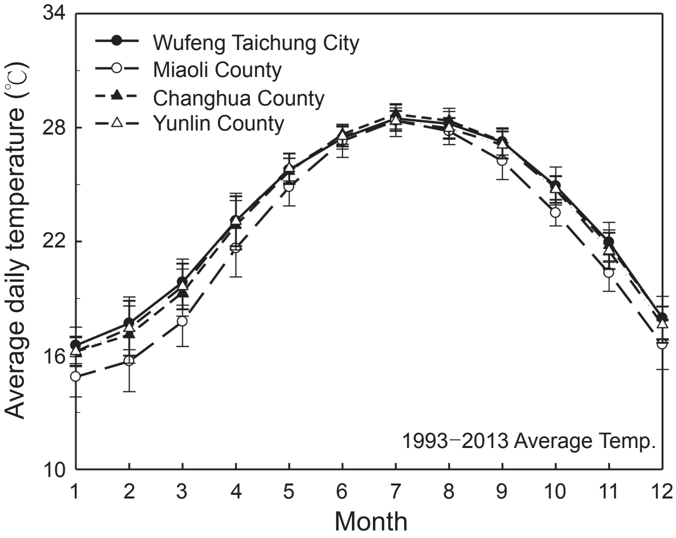

圖 5. 比較水稻「台稉 9 號」主要栽植地區如苗栗縣、台中市霧峰區、彰化縣及雲林縣氣象站於 1993–2013 年每月平均氣溫資料。

Fig. 5. Comparisons of the monthly average values of daily mean air temperature (MDMAT) at four major rice production locations, Wufeng District of Taichung City, Miaoli County, Changhua County and Yunlin County, in Taiwan.

引用文獻

Akram, M., A. A. Cheema, M. A. Awan, and M. Ahmad. 1985. Effect of planting date and fertilizer level on grain yield and protein content of rice. Pakistan J. Agric. Res. 6:165–167.

Choi, H. C. 2002. Current status and perspectives in varietal improvement of rice cultivars for high-quality and value-added products. Korean J. Crop Sci. 47(S):15–32.

Chu, C. and H. S. Lu. 1984. Grain-filling characteristics and its relation to yield components in the first and second rice crops. p.165–179. *in*: Regional and Seasonal Causes of Low Yield in Rice and the Measures for Improvement. (Liu, D. J. and S. C. Hsieh, eds.) Taiwan Agric. Res. Inst. Special Pub. No. 16. Taichung. 322 pp. (in Chinese with English abstract)

Cooper, N. T. W., T. J. Siebenmorgen, and P. A. Counce. 2008. Effects of night-time temperature during kernel development on rice physicochemical properties. Cereal Chem. 85:276–282.

Counce, P. A., R. J. Bryant, C. J. Bergman, R. C. Bauttista, Y. J. Wang, and T. J. Siebenmorgen. 2005. Rice milling quality, grain dimensions, and starch branching as affected by high night temperatures. Cereal Chem. 82:645–648.

Ho, C. H., C. M. Yang, C. L. Hsiao, and M. H. Lai. 2012. Effect of climatic conditions during heading to harvest stage on quality of rice cultivar TNG 71. J. Taiwan Agric. Res. 61:222–240. (in Chinese with English abstract)

Ho, C. H., C. M. Yang, C. L. Hsiao, and M. H. Lai. 2013. Changes of climatic variables during grain-filling stage affect yield and quality of rice cultivars bred from different regions in Taiwan. J. Taiwan Agric. Res. 62:321–339.

Hong, M. C., P. J. Chien, and H. S. Lur. 2000a. The relation between palatability characteristics and glutein and prolamin contents of rice grains. Bull. Taichung Dist. Agric. Res. Ext. Stn. 67:1–10. (in Chinese)

Hong, M. C., A. N. Hsu, and C. F. Li. 2000b. Analysis of rice quality. p.252–266. *in*: Annual Report of Rice Improvement 2000. Taichung Dist. Agric. Res. Improve. Stn. Changhua. 350 pp. (in Chinese)

Hsiao C. L., Y. J. Lee, C. M. Yang, and M. H. Lai. 2009. Effects of planting month on rice quality of cultivar TNG 71. Crop Environ. Bioinform. 6:220–232. (in Chinese with English abstract)

Hsu, C. S., K. C. Lu, P. C. Wu, and K. C. Lin. 2000. Study on cultivation practices to improve rice quality. p.162–168. *in*: Annual Report of Rice Improvement 2000. Taichung Dist. Agric. Res. Improve. Stn. Changhua. 350 pp. (in Chinese)

Hsu, C. S. and H. Sung. 1993. Development of new rice variety: Taikeng 9. Harv. Farm Magaz. 43(16):14–20. (in Chinese)

IPCC. 2013. Summary for policymakers and technical summary. p.3–73. *in*: Working Group I Contribution to the IPCC Fifth Assessment Report, Climate Change 2013: The Physical Science Basis. (Jousssaume, S., J. Penner, and F. Tangang, eds.) Cambridge University Press. Cambridge. 2216 pp.

Kim, K. H., S. Y. Cho, H. P. Moon, and H. C. Choi. 1994. Breeding strategy for improvement and diversification of grain quality in rice. Korean J. Breed. 26(S):1–15.

Kobata, T. and N. Uemuki. 2004. High temperature during grain-filling period do not reduced the potential grain dry matter increase of rice. Agron. J. 96:406–414.

Lack, S., N. M. Marani, and M. Mombeni. 2012. The effects of planting date on grain yield and yield components of rice cultivars. Adv. Environ. Biol. 6:406–413.

Lee, Y. J., C. M. Yang, and C. H. Hsiao. 2009. Influence of climatic conditions on production of rice cultivar TNG 71. J. Taiwan Agric. Res. 58:45–54. (in Chinese with English abstract)

Liang, C. G., L. P. Chen, Y. Wang, J. Liu, G. L. Xu, and T. Li. 2011. High temperature at grain-filling stage affects nitrogen metabolism enzyme activities in grains and grain nutritional quality in rice. Rice Sci. 18:210–216.

Liang, C. G., Q. Zhang, G. L. Xu, Y. Wang, O. Ryu, and T. Li. 2013. High temperature during rice grain filling enhances aspartate metabolism in grains and results in accumulation of aspartate-family amino acids and protein components. Rice Sci. 20:343–348.

Liu, C., S. C. Hsieh, and M. H. Lin. 1984. Influence of climate on the yield and agronomic characters of the first and second crop rice in Taiwan. p.59–72. *in*: Regional and Seasonal Causes of Low Yield in Rice and the Measures for Improvement. (Liu, D. J. and S. C. Hsieh, eds.) Taiwan Agric. Res. Inst. Special Pub. No. 16. Taichung. 322 pp. (in Chinese with English abstract)

Liu, Q., X. Wu, J. Ma, T. Li, X. Zhou, and T. Guo. 2013. Effects of high air temperature on rice grain quality and yield under field condition. Agron. J. 105:446–454.

Lur, H. S., Y. H. Liu, and Agrometeorology Section of Central Weather Bureau. 2006. Environmental challenge and strategy for quality rice culture in Taiwan. Crop Environ. Bioinfom. 3:297–306. (in Chinese with English abstract)

Matsui, T., K. Omasa, and T. Horie. 2001. The difference in sterility due to high temperatures during the flowering period among japonica-rice varieties. Plant Prod. Sci. 4:90–93.

Mohammed, A. R. and L. Tarpley. 2010. Effects of high night temperature and spikelet position on yield-related parameters of rice (*Oryza sativa* L.) plants. Eur. J. Agron. 33:117–123.

Oh-e, I., K. Saitoh, and T. Kuroda. 2007. Effects of high temperature on growth, yield and dry-matter production of rice grown in the paddy field. Plant Prod. Sci. 10:412–422.

Peng, S., J. Huang, J. E. Sheehy, R. C. Laza, R. M. Visperas, X. Zhong, G. S. Centeno, G. S. Khush, and K. G. Cassman. 2004. Rice yields decline with higher night temperature from global warming. Proc. Natl. Acad. Sci. 101:9971–9975.

Petroudi, E. R., G. Noormohammadi, M. J. Mirhadi, H. Madani, and H. R. Mobasser. 2011. Effects of nitrogen fertilization and rice harvest height on agronomic yield indices of ratoon rice-berseem clover intercropping system. Aust. J. Crop Sci. 5:566–574.

Sandhu, S. S., Prabhjyot-Kaur, and K. K. Gill. 2013. Weather based agro indices and grain yield of rice cultivars transplanted on different dates in Punjab. Intl. J. Agric. Food Sci. Technol. 4:1019–1026.

Shen, P., Q. X. Luo, and Z. X. Jin. 2003. Relationship between protein content and the cooking and eating quality properties of rice grain. J. Northeast Agric. Univ. 34:368–371.

Tang, L., Y. Zhu, D. Hannaway, Y. Meng, L. Liu, L. Chen, and W. Cao. 2009. RiceGrow: A rice growth and productivity model. NJAS- Wagen. J. Life Sci. 57:83–92.

Xiao, T. H., Y. Pan, L. H. Luo, H. B. Deng, G. L. Zhang, W. B. Tang, and L. Y. Chen. 2011. Quantitative trait loci associated with pollen fertility under high temperature stress at flowering stage in rice (*Oryza sativa* L.). Rice Sci. 18:204–209.

Yamakawa, H., T. Hirose, M. Kuroda, and T. Yamaguchi. 2007. Comprehensive expression profiling of rice grain filling-related genes under high temperature using DNA microarray. Plant Physiol. 144:258–277.

Zakaria, S., T. Matsuda, S. Tajima, and Y. Nitta. 2002. Effect of high temperature at ripening stage on the reserve accumulation in seed in some rice cultivars. Plant Prod. Sci. 5:160–168.

Zhang, G. M., Y. H. Zhang, L. Q. Song, and X. X. Guo. 2001. Elementary introduction about the influences of protein in rice on nutritive value and taste quality. Heilongjiang Agric. Sci. 3:38–39. (in Chinese with English abstract)

Effects of Climatic Factors during Grain Filling Stage on Yield and Quality of Rice: A Case Study of Cultivar 'TK 9'

Chia-Hsun Ho[1], Chwen-Ming Yang[2,*], Chiao-Ling Hsiao[1], and Ming-Hsin Lai[3]

Abstract

Ho, C. H., C. M. Yang, C. L. Hsiao, and M. H. Lai. 2015. Effects of climatic factors during grain filling stage on yield and quality of rice: A case study of cultivar 'TK 9'. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):317–329.

A five-year field study was conducted in the experimental farm of Taiwan Agricultural Research Institute (TARI) (Wufeng District, Taichung City) in 2008–2012. Rice (*Oryza sativa* L. cv. 'TK9') plants were planted in 'Lichun' (means 'start of spring') in the first half and 'Dashu' (means 'major hear') in the second half of the year as well as one and two solar terms before and after them in each year. There were 49 planting times/seasons in total within five-year experimental period, where weather data were also collected from the nearby weather station located at TARI. Five climatic factors, namely, daily mean air temperature (DMAT), daily maximum air temperature (DMAXAT), daily minimum air temperature (DMINAT), daily sunshine hours (DSH), and daily irradiance (DIR) were computed to calculate the respective cumulative (i.e., ADMAT, ADMAXAT, ADMINAT, ADSH, and ADIR) and average (i.e., MDMAT, MDMAXAT, MDMINAT, MDSH, and MDIR) values of these variables during grain-filling stage (from anthesis to harvest). The effects of climatic factors on yield and quality of this cultivar were analyzed based on these datasets. From the results of correlation matrices, crude protein and whiteness of milled rice were positively correlated, while amylose and transparency were negatively correlated, with ADMAT, ADMAXAT and ADMINAT in the first half year. By the stepwise selection of multiple regression analysis, results indicated that the cumulative values of temperatures were the main climatic variables affecting rice quality, but their weights varied with changes in climatic environment in both the first and the second halves of the year. Results showed that rice yield was closely correlated with MDMAT, MDMAXAT, and MDMINAT in a convex curvilinear function. In the first half, the maximum values of yield for MDMINAT, MDMAT and MDMAXAT were occurred near 22.5, 26, and 31℃, respectively, but were shifted to 20, 24, and 29℃ in the second half. Rice quality was also significantly correlated with these three variables in a curvilinear fashion. Crude protein and whiteness of milled rice were positively correlated while amylose and transparency were negatively correlated. Variation was in a greater extent in the first half of the year. As a summary, temperature variables are more important in determining grain yield and rice quality of cultivar 'TK9'. When combining the experimental results with historical weather data of the major production areas (Maoli County, Taichung City, Changhua County, and Yunlin County) of this cultivar, the best month for grain filling is May in the first half and is October in the second half. To better match these two months for these areas, the first crop should be planted at 15 days before 'Lichun' while the second crop should be cultivated at 15 days after 'Dashu'.

Key words: Solar term, Lichun (start of spring), Dashu (major heat), Daily mean air temperature, Daily maximum air temperature, Daily minimum air temperature.

Received: June 1, 2015; Accepted: July 7, 2015.

[*] Corresponding author, e-mail: cmyang@tari.gov.tw
[1] Assistant Research Fellows, Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
[2] Research Fellow and Director, Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
[3] Associate Research Fellow, Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):330–335 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.07

東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 植物揮發性成分餌劑應用性評估

董耀仁 [1] 陳健忠 [2,*]

摘要

董耀仁、陳健忠。2015。東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 植物揮發性成分餌劑應用性評估。台灣農業研究 64(4):330–335。

本研究分別於戶外網籠 (5 m × 5 m × 2 m) 及枇杷園 (0.76 ha) 評估東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 植物揮發性餌劑 (plant volatile bait; PVB) 之應用性。於網籠內比較現配、經戶外懸掛 1、2 及 3 wk 之 PVB 餌劑對未饑餓懷卵雌東方果實蠅之誘殺效果，結果 1 d 平均誘殺率分別為 85.3、72.0、60.3 及 62.1%，誘殺效果有隨戶外懸掛時間加長而下降之趨勢。於網籠內分別懸掛 1、2、3 及 4 個 PVB 餌劑比較其對未饑餓懷卵雌東方果實蠅之誘殺效果，結果 1 d 平均誘殺率分別是 86.9、96.0、94.3 及 92.9%，顯示使用 2 個以上 PVB 餌劑並不能增加誘殺效果。於網籠內比較 PVB 餌劑、蛋白質水解物、賜諾殺濃餌劑、酵母球、黃色黏板等不同資材對未饑餓懷卵雌東方果實蠅之誘殺效果，結果 1 d 平均誘殺率分別是 81.3、74.0、72.9、50.3 及 49.5%，PVB 餌劑優於現行使用資材。於枇杷園施用 PVB 餌劑，結果處理區於 8 wk 試驗期間，枇杷果實平均被害率與產卵孔數均低於賜諾殺濃餌劑處理區及未處理對照區。試驗結果顯示 PVB 餌劑具有作為東方果實蠅防治資材之潛力，惟其誘效穩定性與持續性仍需進一步改良與試驗。

關鍵詞：東方果實蠅、植物揮發性成分餌劑、誘效、果實蠅防治。

東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 是我國重要蔬果害蟲，雌蟲產卵於果實內，孵化後幼蟲蛀食果肉影響水果產量和品質。在台灣，周年發生，為害的果樹種類超過 50 種，其中又以番石榴、楊桃及芒果等經濟果樹受害最為嚴重 (Liu 1981)。本蟲亦被許多國家列為重要的檢疫害蟲，因此在水果輸出常形成貿易障礙 (Chen *et al*. 2001)。目前以化學防治、甲基丁香油滅雄、點噴含毒蛋白質水解物、果實套袋及清除被害果為主要的防治方法 (Lee 1988; Liu 1991)。

東方果實蠅的寄主植物眾多，所散發的氣味可誘引雌蠅前來產卵，其中之誘引成分與配方應用研究得到許多研究人員的重視。Chen & Dong (2000) 測試山刺番荔枝 (*Annona montana*)、鷹爪花 (*Artabotrys uncinatus*)、阿勃勒 (*Cassia fistula*)、爪哇鳳果 (*Garcinia dulcis*) 和欖仁 (*Terminalia catappa*) 葉片之乙醚萃取物，證實可以誘引東方果實蠅，且誘得的雌蟲數顯著較雄蟲多，且此 5 種供試萃取物，亦可誘引雌東方果實蠅在黃色塑膠球內產卵。Jayanthi *et al*. (2012) 亦從芒果揮發性成分中找出對已交尾東方果實蠅雌蠅具誘引效果成分。在其他果實蠅種類中，Lu (2002) 發現洋香瓜果實揮發性成分中含有誘引雌瓜實蠅產卵物質；Siderhurst & Jang (2010) 從胡瓜揮發性物質中篩選出對瓜實蠅雌蟲具誘引效果之成分；而 Maria *et al*. (2013) 之研究亦顯示地中

投稿日期：2015 年 3 月 3 日；接受日期：2015 年 3 月 20 日。
* 通訊作者：chiencc@tari.gov.tw
[1] 農委會農業試驗所應用動物組助理研究員。台灣 台中市。
[2] 農委會農業試驗所應用動物組研究員。台灣 台中市。

海果實蠅對桃樹不同品系之危害程度差異與果實中揮發性成分與含量有關。上述研究皆顯示植物中的揮發性成分可有效誘引各種果實蠅類雌蠅，可開發成雌蟲誘引劑用於果實蠅防治工作。

Dong & Chen (2013) 證實 2 種東方果實蠅寄主植物揮發性成分 Propyl acetate (Pa) 及 Isobutyl acetate (Iba) 等比例混合時，對懷卵之雌東方果實蠅具誘引效果，且可增加蛋白質水解物及賜諾殺濃餌劑對雌蠅的誘殺效果。Hwang *et al*. (2002) 研究番石榴揮發性成分對東方果實蠅誘引效果，指出除可藉由不同揮發性成分間組合來提升誘引效果外，於 50% 糖蜜溶液中添加 3% ethyl acetate 可增加誘效 2 倍且誘引效果與新鮮的番石榴無顯著差異。上述試驗結果顯示利用寄主植物揮發性成分搭配食物成分，可組成有效的雌東方果實蠅誘引劑。

本研究以 Pa + Iba 搭配酵母粉等食物成分調製成之東方果實蠅植物揮發性成分餌劑 (plant volatile bait; PVB) 為不含毒餌劑，搭配改良型麥氏誘蟲器使用，探討其對雌東方果實蠅之誘效持續性和施用密度，同時比較其與蛋白質水解物 (Protein hydrolysate，嘉農)、賜諾殺濃餌劑 (Spinosad，台灣道禮)、酵母球 (Torula yeast, ISCA)、黃色黏板 (Yellow sticky paper，振詠興業) 等可用於誘殺果實蠅資材對雌東方果實蠅的誘殺效果。另於枇杷園測試施用 PVB 餌劑對降低果實被害程度之影響，以評估 PVB 餌劑之應用性。

PVB 餌劑持效測試：於戶外網籠 (5 m × 5 m × 2 m) 中釋放 125 對 10–20 日齡未饑餓東方果實蠅，30 min 後放入 1 個內有餌劑之改良型麥氏誘蟲器。餌劑為現配之 350 mL PVB 餌劑，或分別於戶外懸掛經 1、2 及 3 wk 之 PVB 餌劑，並以只加水之誘蟲器為對照組，經 1 d 後計算誘蟲器中死亡雌蠅數目，本試驗進行 6 重複。

PVB 施用密度測試：於戶外網籠 (5 m × 5 m × 2 m) 中釋放 125 對 10–20 日齡未饑餓東方果實蠅，30 min 後分別放入 1、2、3、4 個改良型麥氏誘蟲器內加入 350 mL PVB 餌劑之誘蟲器，經 1 d 後計算誘蟲器中死亡雌蠅數目。本試驗共 6 重複。

PVB 餌劑等不同資材對雌東方果實蠅誘效比較：於戶外網籠 (5 m ×5 m × 2 m) 中放入 125 對 10–20 日齡未饑餓東方果實蠅 30 min 後，再放入各誘蟲器。誘蟲器中除黃色黏板直接懸掛於網籠中，其餘資材皆搭配改良型麥氏誘蟲器使用 [分別加入 350 mL PVB 餌劑或蛋白質水解物；賜諾殺濃餌劑則以 10 mL 吸附於棉片 (3.5 cm × 3.5 cm × 0.7 cm) 後，懸掛於誘蟲器內並加入 350 mL 水；酵母球 1 顆放入改良型麥氏誘蟲器並加入 350 mL 水]。經 1 d 後計算誘蟲器中死亡雌蠅數目，以只加水之誘蟲器為對照組。本試驗共 6 重複。

田間施用 PVB 餌劑於降低果實被害程度試驗：於 0.76 ha 枇杷園劃出 3 小區 (每小區 15 m × 10 m，約種植 35 株枇杷，彼此間隔 10 m)，分別為 PVB 餌劑處理區 (改良型麥氏誘蟲器內加入 350 mL PVB 餌劑，懸掛於處理區枇杷植株，每 5 m 範圍懸掛 1 個共 6 個)、賜諾殺濃餌劑處理區 (參考植物保護手冊防治番石榴東方果實蠅所述，將 0.02% 賜諾殺濃餌劑稀釋 8 倍後噴施於枇杷下半部葉片，全區每株枇杷 4 點) 及未處理對照區。於枇杷果實轉色時開始試驗，賜諾殺濃餌劑每週施用 1 次，PVB 餌劑則每 2 wk 更換 1 次。將每小區分為 5 段，每段每週隨機摘取 10 顆已轉色大小相似之枇杷，帶回室內檢查果實上產卵孔數目並調查被害率，試驗共進行 8 wk。

上述試驗所得各項資料以 SAS-EG (Version 4.1, 2006) 統計分析軟體進行變方分析 (analysis of variance; ANOVA) 及最小顯著差異性測驗 (least significant difference test; LSD test)。

試驗結果顯示 PVB 餌劑對未饑餓懷卵雌東方果實蠅誘殺效果有隨餌劑調配後時間加長而下降之趨勢，誘殺率從現配的 85.3% 下降至第 2 wk 的 60.3% 後維持穩定，第 3 wk 誘殺率為 62.1% 與第 2 wk 無顯著差異，但仍顯著高於對照組的 4.2% (表 1)。於 5 m × 5 m × 2 m 網籠中，PVB 餌劑對未饑餓懷卵雌東方果實蠅誘殺率，從 1 個誘蟲器處理的 86.9% 增

加至 2 個的 96.0%，但再增加 PVB 餌劑誘蟲器的數目對誘殺效果並無影響 (表 2)。PVB 餌劑對未饑餓懷卵雌東方果實蠅 1 d 平均誘殺率為 81.3%，高於蛋白質水解物的 74.0%，及賜諾殺濃餌劑的 72.9%，但三者間無顯著差異，且皆顯著高於酵母球的 50.3% 及黃色黏板的 49.5%。上述 5 種資材對未饑餓懷卵雌東方果實蠅 1 d 平均誘殺率均顯著高於對照組的 6.8% (表 3)。於枇杷園施用 PVB 餌劑，果實被害率均低於對照組，其中第 2–7 wk 有顯著差異；與賜諾殺濃餌劑處理區相較，除第 8 wk 被害率相同外，均低於賜諾殺濃餌劑處理區，其中第 3 wk 與第 6 wk 有顯著差異 (圖 1)。PVB 餌劑處理區枇杷果實平均產卵孔數除第 8 wk 外均顯著低於對照組，與賜諾殺濃餌劑處理區相較整個調查期間枇杷果實平均產卵孔數均較低且第 3 wk 及第 4 wk 有顯著差異 (圖 2)。

使用果實蠅雌蟲誘引劑具有防治上的優勢，可防除雌蟲及潛在的子代 (Jang & Light 1996)。蛋白質水解物等食物餌劑對饑餓狀態之果實蠅有良好誘殺效果，但對於已取食進入園內產卵雌蠅誘殺效果較差 (Prokopy *et al*. 2003)，引起學者自寄主果實揮發性成分中尋找並研發雌蟲誘引劑，以補單純食物餌劑之不足。

本研究評估農業試驗所研發的 PVB 餌劑的應用性，於枇杷園的試驗結果顯示 PVB 餌劑能有效降低東方果實蠅對枇杷的危害，效果優於植物保護手冊推薦的賜諾殺濃餌劑。網籠試驗結果顯示對未饑餓懷卵雌東方果實蠅誘殺效果優於現行使用防治資材。雖然 5 m 範圍內使用 2 個 PVB 餌劑對雌蠅誘殺效果高於 1 個，但考量施用成本仍建議每 5 m 使用 1 個 PVB 餌劑即可。PVB 餌劑對未饑餓懷卵雌東方果實蠅誘殺效果於 2 wk 內顯著降低然後維持穩定，推測有效的植物揮發性成分已揮發，僅剩食物成分的誘引效果。雖然試驗結果顯示 PVB 餌劑具有作為東方果實蠅防治資材的潛力，但仍需進一步改良其誘效包括持續性與穩定性。

表 1. PVB 餌劑懸掛於戶外經不同時間後對雌東方果實蠅之誘殺效果。

Table 1. Trapping effectiveness of PVB bait to female oriental fruit fly after exposing outdoor for different times.

Duration of bait hung outdoors	% mortality of fruit fly attracted and killed (Mean ± SE)
Fresh	85.3 ± 2.3 a[z]
1 wk	72.0 ± 3.0 b
2 wk	60.3 ± 2.3 c
3 wk	62.1 ± 4.0 c
Control	4.2 ± 1.5 d

[z] Means within the same column followed by the same letter are not significantly different at $P < 0.05$ (Fisher's protected LSD test; SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

表 2. 於 5 m × 5 m × 2 m 網籠內懸掛不同數目 PVB 餌劑對雌東方果實蠅誘殺效果。

Table 2. Trapping effectiveness of different number PVB bait to female oriental fruit fly in 5 m × 5 m × 2 m net-cage.

Number of PVB bait	% mortality of fruit fly attracted and killed (Mean ± SE)
1	86.9 ± 2.2 b[z]
2	96.0 ± 2.5 a
3	94.3 ± 1.9 a
4	92.9 ± 1.7 a

[z] Means within the same column followed by the same letter are not significantly different at $P < 0.05$ (Fisher's protected LSD test; SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

表 3. 不同資材於 5 m × 5 m × 2 m 網籠內對雌東方果實蠅誘殺效果。

Table 3. Trapping effectiveness of different bait to female oriental fruit fly in 5 m × 5 m × 2 m net-cage.

Bait	% mortality of fruit fly attracted and killed (Mean ± SE)
PVB	81.3 ± 2.4 a[z]
Protein hydrolysate	74.0 ± 3.4 a
Spinosad	72.9 ± 5.0 a
Torula yeast	50.3 ± 7.6 b
Yellow sticky paper	49.5 ± 5.2 b
Control	6.8 ± 0.9 c

[z] Means within the same column followed by the same letter are not significantly different at $P < 0.05$ (Fisher's protected LSD test; SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

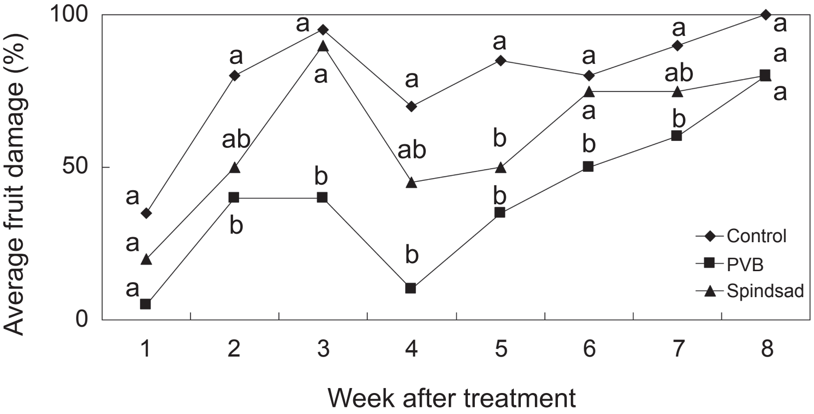

圖 1. 枇杷園施用 PVB 餌劑及賜諾殺濃餌劑對果實被害率影響。各平均值示以相同字母者為 5% 顯著水準下經 LSD 測驗未達顯著性差異。

Fig. 1. Effects of using PVB bait and spinosad on fruit damage rate in loquat orchard. Means with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$ (Fisher's protected LSD test; SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

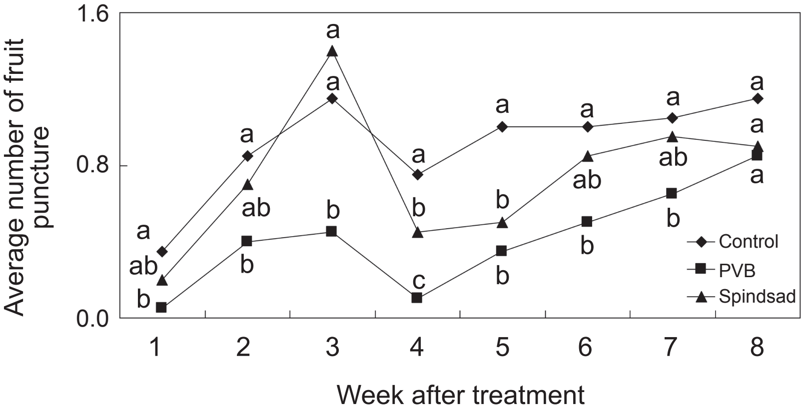

圖 2. 枇杷園施用 PVB 餌劑及賜諾殺濃餌劑對果實產卵孔數影響。各平均值示以相同字母者為 5% 顯著水準下經 LSD 測驗未達顯著性差異。

Fig. 2. Effects of using PVB bait and spinosad on fruit puncture number in loquat orchard. Means with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$ (Fisher's protected LSD test; SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

引用文獻

Chen, C. C. and Y. J. Dong. 2000. Attraction of the oriental fruit fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] (Diptera: Tephritidae), to leaf extracts of five plants. Chinese J. Entomol. 20:37–44. (in Chinese with English abstract)

Chen, C. C., Y. J. Dong, and L. L. Cheng. 2001. Evaluation of trapping effectiveness of the improved McPhail trap for oriental fruit fly (*Bactrocera dorsalis*) (Diptera: Tephritidae). Formosan Entomol. 21:65–75. (in Chinese with English abstract)

Dong, Y, J. and C. C. Chen. 2013. Evaluation of the attractiveness of plant volatiles to female oriental fruit fly. Formosan Entomol. 33:308.

Hwang, J. S., Y. P. Yen, M. C. Chang, and C. Y. Liu. 2002. Extraction and identification of volatile components of guava fruits and their attraction to oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel). Plant Prot. Bull. 44:279–302. (in Chinese with English abstract)

Jang, E. B. and D. M. Light. 1996. Olfactory semiochemicals of tephritids. p.73–90. *in*: Fruit Fly Pests: A World Assessment of Their Biology and Management. (Mcpheron, B. A. and G. J. Steck, eds.). St. Lucie Press, Delray Beach. 608 pp.

Jayanthi, P. D. K., C. M. Woodcock, J. Caulfield, M. A. Birkett, and T. J. A. Bruce. 2012. Isolation and identification of host cues from mango, *Mangifera indica*, that attract gravid female oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis*. J. Chem. Ecol. 38:361–369.

Lee, W. Y. 1988. The control programme of the oriental fruit fly in Taiwan. p.51–60. *in*: Proceedings of the Symposium on Fruit Integrated Pest Management. September 30–October 1, 1988. Chiayi, Taiwan. Entomological Society of the Republic of China, Taipei. (in Chinese with English abstract)

Liu, Y. C. 1981. A review on studies of the Oriental fruit fly, *Dacus dorsalis* Hendel in Taiwan. Bull. Soc. Entomol. (NCHU) 16:9–26. (in Chinese with English abstract)

Liu, Y. C. 1991. Current status and control of the oriental fruit fly, *Dacus dorsalic* Hendel of Taiwan. p.81–86. *in*: Proceedings of the International Symposium on the Biology and Control of Fruit Flies. September 2–4, 1991. Ginowan, Japan. Food and Fertilizer of Technology Center, University of the Ryukyus, and the Okinawa Prefectural Government, Ginowan.

Lu, F. M. 2002. Ovipositional preference of the melon fly, *Bactrocera cucurbitae* Coquillett (Diptera: Tephritidae) (II): Analysis of extracted chemicals from fruits of the muskmelon. Formosan Entomol. 22:163–170. (in Chinese with English abstract)

Maria, R. T., D. Fiorini, E. Marcantoni, S. Materazzi, M. Delfini, F. D. S. Roberto, and S. Musmeci. 2013. Impact of the Mediterranean fruit fly (Medfly) *Ceratitis capitata* on different peach cultivars: The possible role of peach volatile compounds. Food Chem. 140:375–381.

Prokopy, R. J., N. W. Miller, J. C. Piñero, J. D. Barry, L. C. Tran, L. Oride, and R. I. Vargas. 2003. Effectiveness of GF-120 fruit fly bait spray applied to border area plants for control of melon flies (Diptera: Tephritidae). J. Econ. Entomol. 96:1485–1493.

Siderhurst, M. S. and E. B. Jang. 2010. Cucumber volatile blend attractive to female melon fly, *Bactrocera cucurbitae* (Coquillett). J. Chem. Ecol. 36:699–708.

Evaluation of Plant Volatile Bait in Trapping Oriental Fruit Fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)]

Yaw-Jen Dong[1] and Chien-Chung Chen[2,*]

Abstract

Dong, Y. J. and C. C. Chen. 2015. Evaluation of plant volatile bait in trapping oriental fruit fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)]. J. Taiwan Agric. Res. 64(4):330–335.

Evaluation of the applicability of oriental fruit fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] plant volatile bait (PVB bait) was conducted in 5 m × 5 m × 2 m net-cage and 0.76 ha loquat orchard, respectively. Results of net-cage test showed that 1 d average attracted and killed mortality of fresh new and exposing outdoor for 1, 2, and 3 wk PVB bait to non starvation and gravid female oriental fruit fly were 85.3, 72.0, 60.3, and 62.1%, respectively, and decreased with time. One day average attracted and killed mortality of using 1, 2, 3, and 4 PVB bait were 86.9, 96.0, 94.3, and 92.9%, respectively, and using more than 2 baits did not show higher effectiveness. One-day average attract-and-kill mortality of PVB bait, protein hydrolysate, Spinosad, Torula yeast and yellow sticky paper were 81.3, 74.0, 72.9, 50.3, and 49.5%, respectively. Attract and kill effectiveness of PVB bait is better than those of currently materials used for oriental fruit fly control. Evaluation of PVB bait control effectiveness was conducted in loquat orchard, and the results showed that average fruit damage and number of oviposition puncture number were the lowest in PVB bait treatment plot than in Spinosad and control plots. Although PVB bait has potential to use as oriental fruit fly control substance, further improvement of the persistence and stability of PVB bait is required.

Key words: *Bactrocera dorslais*, Plant volatile bait, Attractiveness, Fruit fly control.

Received: March 3, 2015; Accepted: March 20, 2015.
* Corresponding author, e-mail: chiencc@tari.gov.tw
1 Assistant Research Fellow, Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
2 Research Fellow, Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 64(4):336–341 (2015)
DOI: 10.6156/JTAR/2015.06404.08

研究簡報

植物揮發性成分對東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 之誘效評估

董耀仁 [1] 陳健忠 [2,*]

摘要

董耀仁、陳健忠。2015。植物揮發性成分對東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 之誘效評估。台灣農業研究 64(4):336–341。

本研究於室內網籠測試 44 種植物揮發性成分對東方果實蠅雌蟲之誘引效果，結果顯示 44 種供試成分中有 15 種化合物對東方果實蠅雌蟲有明顯的誘引效果，其中丁酸丁酯、乙酸異戊酯及己酸乙酯對雌蟲誘捕率分別為 53.5、69.0 及 60.0%，效果最好。此 15 種室內試驗篩選出之有效成分續於戶外進行網籠試驗，結果丁酸丁酯、乙酸異戊酯、己酸乙酯及乙酸正丁酯對雌蟲之誘捕率分別為 18.2、15.1、9.5 及 18.2%，與對照組間有顯著差異。此 4 種植物揮發性成分值得進一步探討其可能的應用性。

關鍵詞：東方果實蠅、植物揮發性成分、誘效、果實蠅防治。

東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 危害番石榴、蓮霧及印度棗等多種經濟果樹，是我國重要的果樹害蟲 (Liu 1981)。在台灣東方果實蠅全年發生，雌蟲將卵產於果實內，孵化後的幼蟲蛀食果肉影響水果產量和品質。此害蟲亦被世界各國認為是重要的檢疫害蟲，因此在水果貿易時常形成障礙 (Chen *et al*. 2001)。

東方果實蠅因寄主散發的氣味可誘引雌蠅前來產卵，其中參與誘引的成分自然受到研究人員重視。Chen & Dong (2000) 證實山刺番荔枝 (*Annona montana*)、鷹爪花 (*Artabotrys uncinatus*)、阿勃勒 (*Cassia fistula*)、爪哇鳳果 (*Garcinia dulcis*) 和欖仁 (*Terminalia catappa*) 葉片之乙醚萃取物可以誘引東方果實蠅，且誘得的雌蟲數顯著較雄蟲多。在其他類果實蠅研究，洋香瓜及胡瓜揮發性成分中證實含有誘引雌瓜實蠅物質 (Lu 2002; Siderhurst & Jang 2010)，而 Maria *et al*. (2013) 研究指出地中海果實蠅 (*Ceratitits capitata*) 對不同品系桃樹之危害程度差異來自其中揮發性成分與含量之不同。上述研究結果皆顯示植物揮發性成分可有效誘引果實蠅雌蠅，值得利用其開發成雌蟲誘引劑用於果實蠅防治工作。

果實蠅寄主植物揮發性成分眾多，本試驗測試 44 種由農業試驗所陳健忠博士自番石榴、山刺番荔枝及鷹爪花等東方果實蠅寄主植物果實或葉片鑑定出之揮發性成分對東方果實蠅之誘效，期篩選出適合用以開發成東方果實蠅雌蟲誘引劑之成分。此 44 種供試成分之名稱、純度與出品廠商如表 1。

室內測試各成分對東方果實蠅之誘效時，於網籠 (40 cm × 40 cm × 40 cm) 內放入 25 對 10–20 日齡人工飼料飼養未饑餓果實蠅 30 min 後，放入加蓋透明捲邊杯 (250 mL)，內置含 0.5 mL 未稀釋揮發性成分之棉片 (1.5 cm × 1.5 cm)。捲邊杯蓋有一正方形內凹開口 (1.5 cm × 1.5 cm)，供氣味散出及果實蠅進出，試驗組

投稿日期：2015 年 3 月 3 日；接受日期：2015 年 4 月 7 日。
* 通訊作者：chiencc@tari.gov.tw
1 農委會農業試驗所應用動物組助理研究員。台灣 台中市。
2 農委會農業試驗所應用動物組研究員。台灣 台中市。

表 1. 供試用揮發性成分。

Table 1. Volatiles for test.

Volatile	Purity	Manufacturer	Volatile	Purity	Manufacturer
Hexyl acetate	≥ 98%	Merck	n-Butyl acetate	≥ 99%	Merck
Methyl acetate	≥ 99%	Merck	Isoamyl acetate	≥ 99%	Merck
Propionic acid	≥ 99%	Merck	Ethyl propionate	≥ 99%	Merck
Methyl butyrate	≥ 98%	Merck	Ethyl butyrate	≥ 98%	Merck
Butyl butyrate	≥ 98%	Merck	Methyl hexanoate	≥ 98%	Merck
Ethyl hexanoate	≥ 98%	Merck	Hexaldehyde	≥ 98%	Merck
Ethyl isopentanoate	≥ 98%	Merck	cis-3-Hexen-1-ol	≥ 98%	Merck
2-Methylheptanoic acid	≥ 99%	Merck	1,4-Diaminobutane	≥ 98%	Merck
n-Hexadecane	≥ 99%	Merck	α-Phellandrene	≥ 60%	Merck
Myrcene	≥ 85%	Merck	DL-Limonene	≥ 95%	Merck
(1R)-(+)-α-Pinene	≥ 97%	Merck	(1S)-(-)-α-Pinene	≥ 95%	Merck
Dimethyl disulfide	≥ 99%	Sigma-Aldrich	n-Undecane	≥ 99%	Sigma-Aldrich
Dodecane	≥ 99%	Sigma-Aldrich	Pentadecane	≥ 99%	Sigma-Aldrich
Di-tert-butyl dicarbonate	99%	Sigma-Aldrich	Octamethylcyclotetrasiloxane	98%	Sigma-Aldrich
Cyclohexanecarboxylic acid	98%	Sigma-Aldrich	Methyl formate	99%	Sigma-Aldrich
Methyl 2-furoate	98%	Sigma-Aldrich	Ethyl pentanoate	≥ 98%	Sigma-Aldrich
n-Amyl alcohol	≥ 99%	Sigma-Aldrich	Decane	≥ 99%	Sigma-Aldrich
3-Octanol	99%	Sigma-Aldrich	Eucalyptol	99%	Sigma-Aldrich
Methyl amine	≥ 98%	Sigma-Aldrich	Aminoethyl ethanolamine	99%	Sigma-Aldrich
Diethyl ketone	≥ 99%	Sigma-Aldrich	b-Caryophyllene	≥ 80%	Sigma-Aldrich
3-Caren	≥ 90%	Sigma-Aldrich	Naphthalene	99%	Sigma-Aldrich
Isovaleraldehyde	97%	Sigma-Aldrich	Gamma undecalactone	98%	Acros

網籠與對照組於室內不同區域進行，間隔 10 m 以上以減少氣味之干擾。捲邊杯經 1 d 後計算杯中果實蠅數目，以未加揮發性成分棉片為對照組，每次試驗 8 重複。戶外東方果實蠅誘效測試方法是將上述室內試驗中誘引效果較好之丁酸丁酯、乙酸異戊酯、己酸乙酯、乙酸正丁酯、二硫二甲烷、DL-寧烯、癸烷及石竹烯等 8 種成分各 0.5 mL 分別裝入容量 1.5 mL 加蓋透明聚丙烯塑膠管 (polypropylene，耐酸鹼及化學物質，不與供試揮發性成分起反應影響氣味) 中，塑膠管蓋上方開一直徑 0.3 cm 之圓孔供氣味散出。塑膠管懸掛於黑色改良型麥氏誘蟲器中，內加 350 mL 水 (減少麥氏誘蟲器原黃顏色對果實蠅誘引效果)。將 125 對 10–20 日齡未飢餓東方果實蠅放入網籠 (5 m × 5 m × 2 m) 中，經 30 min 後掛入誘蟲器，經 1 d 後計算誘捕果實蠅數目。以未加揮發性成分之誘蟲器為對照組，每次試驗 6 重複。上述試驗所得雌、雄蠅誘捕率以 SAS-EG (Version 4.1, 2006) 統計分析軟體進行 *t*-test 分析其差異顯著性。

室內誘效試驗結果顯示 44 種揮發性成分中有 15 種成分對東方果實蠅雌、雄蟲具明顯誘引效果，其中以丁酸丁酯 (雌、雄蟲誘捕率分別為 53.5%、62.5%)、乙酸異戊酯 (雌、雄蟲分別為 69.0%、51.0%) 及己酸乙酯 (雌、雄蟲分別為 60.0%、62.0%) 3 種成分效果最好，對東方果實蠅雌蠅誘捕率均達 50.0% 以上。癸烷 (雌、雄蟲誘捕率分別為 33.0%、78.0%) 及 DL- 寧烯 (雌、雄蟲分別為 34.0%、72.0%) 則對東方果實蠅雄蠅具明顯誘引效果，誘捕率達 70.0% 以上 (表 2)。戶外誘效試驗結果顯示 8 種揮發性成分中，丁酸丁酯對雌、雄蟲誘捕率分別為 18.2%、16.5%；乙酸異戊酯之捕率分

表 2. 15 種植物揮發性成分於室內網籠對東方果實蠅之誘引效果。

Table 2. Attractiveness of 15 plant volatiles to the oriental fruit fly in laboratory cage tests.

	% fruit flies trapped (Mean ± SE)			% fruit flies trapped (Mean ± SE)	
Plant volatile	Female	Male	Plant volatile	Female	Male
Aminoethyl ethanolamine	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	n-Amyl alcohol	1.0 ± 0.7	1.0 ± 0.7
Control	1.0 ± 0.7	0.0 ± 0.0	Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
Butyl butyrate	53.5 ± 3.0*[z]	62.5 ± 5.4*	n-Butyl acetat	39.0 ± 4.8*	36.5 ± 3.4*
Control	6.0 ± 2.8	6.0 ± 2.0	Control	6.0 ± 2.0	5.0 ± 1.3
3-Carene	3.0 ± 1.5	3.0 ± 1.5	β-Caryophyllene	30.0 ± 5.0*	24.0 ± 5.9*
Control	2.5 ± 1.5	3.0 ± 1.3	Control	4.0 ± 1.6	1.0 ± 1.0
Cyclohexanecarboxylic acid	1.0 ± 0.7	0.0 ± 0.0	Decane	33.0 ± 3.0*	78.0 ± 4.8*
Control	1.5 ± 0.7	1.0 ± 0.7	Control	6.0 ± 1.2	11.0 ± 3.4
1,4-Diaminobutane	2.5 ± 1.1	2.0 ± 0.8	Diethyl ketone	0.5 ± 0.5	1.0 ± 1.0
Control	2.0 ± 0.8	2.5 ± 0.7	Control	1.5 ± 0.7	1.0 ± 0.7
Dimethyl disulfide	35.0 ± 4.1*	46.0 ± 11.4*	Di-tert-butyl dicarbonate	29.0 ± 6.6*	28.0 ± 6.7*
Control	4.0 ± 1.6	4.0 ± 1.6	Control	9.0 ± 5.0	11.0 ± 3.4
DL-Limonen	34.0 ± 6.0*	72.0 ± 6.9*	Dodecane	1.5 ± 1.1	0.0 ± 0.0
Control	9.0 ± 5.0	11.0 ± 3.4	Control	1.0 ± 0.7	1.0 ± 0.7
Ethyl butyrate	1.5 ± 0.7	1.0 ± 0.7	Ethyl hexanoate	60.0 ± 2.3*	62.0 ± 2.0*
Control	0.5 ± 0.5	1.0 ± 0.7	Control	4.0 ± 2.8	2.0 ± 1.2
Ethyl isopentanoate	28.0 ± 4.4*	22.0 ± 3.4*	Ethyl pentanoate	19.0 ± 1.9*	41.0 ± 6.0*
Control	0.5 ± 0.5	0.5 ± 0.5	Control	4.0 ± 1.6	1.0 ± 1.0
Ethyl propionate	5.0 ± 1.5	2.5 ± 1.3	Eucalyptol	20.0 ± 8.5*	38.0 ± 7.7*
Control	4.0 ± 1.1	1.5 ± 0.7	Control	4.0 ± 1.6	4.0 ± 1.6
Gamma undecalactone	3.0 ± 1.5	3.0 ± 1.6	n-Hexadecane	12.0 ± 7.4	18.0 ± 6.6
Control	2.5 ± 1.3	3.5 ± 1.9	Control	7.0 ± 1.2	11.0 ± 3.4
cis-3-Hexen-1-ol	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	Hexaldehyde	0.5 ± 0.5	0.5 ± 0.5
Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
Hexyl acetat	25.5 ± 2.0*	16.0 ± 1.5*	Isoamyl acetate	69.0 ± 4.1*	51.0 ± 3.5*
Control	1.0 ± 1.0	2.5 ± 1.5	Control	0.5 ± 0.1	1.5 ± 0.3
Isovaleraldehyde	0.0 ± 0.0	1.0 ± 0.7	Methyl acetate	8.5 ± 1.4	7.5 ± 1.6
Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	Control	5.5 ± 1.7	5.0 ± 1.6
Methyl amine	2.5 ± 1.1	1.5 ± 1.1	Methyl butyrate	8.8 ± 0.9	10.5 ± 1.5
Control	2.0 ± 0.8	2.0 ± 1.3	Control	7.5 ± 1.2	11.0 ± 2.2
Methyl formate	5.0 ± 2.0	5.0 ± 1.6	Methyl 2-furoate	3.0 ± 1.6	4.0 ± 1.7
Control	4.0 ± 1.9	5.0 ± 2.0	Control	3.5 ± 1.4	4.0 ± 2.0
2-Methylheptanoic acid	1.5 ± 1.1	2.0 ± 1.1	Methyl hexanoate	25.0 ± 4.4*	38.0 ± 3.8*
Control	2.0 ± 1.1	1.5 ± 1.1	Control	4.0 ± 2.8	2.0 ± 1.2
Myrcene	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	Naphthalene	1.0 ± 0.7	0.0 ± 0.0
Control	0.5 ± 0.5	0.0 ± 0.0	Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
Octamethylcyclotetrasiloxane	2.0 ± 0.7	1.0 ± 0.7	3-Octanol	1.5 ± 0.7	0.0 ± 0.0
Control	1.5 ± 0.7	1.0 ± 0.7	Control	1.5 ± 0.7	0.0 ± 0.0
Pentadecane	2.0 ± 0.8	1.5 ± 0.8	Propionic acid	1.0 ± 0.7	0.0 ± 0.0
Control	3.5 ± 1.2	2.0 ± 0.8	Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
(1R)-(+)-α-Pinene	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	(1S)-(-)-α-Pinene	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	Control	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
α-Phellandrene	31.0 ± 6.0*	46.0 ± 3.5*	n-Undecane	1.5 ± 1.1	0.0 ± 0.0
Control	9.0 ± 5.0	11.0 ± 3.4	Control	1.0 ± 0.7	1.0 ± 0.7

[z] Asterisk indicates a significant difference from the control at $P < 0.05$ (*t*-tests SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

別為 15.1%、17.8%；乙酸正丁酯之誘捕率分別為 18.2%、15.5%，己酸乙酯處理組之誘捕率分別為 9.5%、10.9%，均與對照組間有顯著差異。其餘 4 種揮發性成分對東方果實蠅誘引效果則與對照組間無顯著差異 (表 3)。

使用果實蠅雌蟲誘引劑具有防治上的優勢，可消滅雌蟲及潛在的子代，故引起研究者重視 (Jang & Light 1996)。東方果實蠅寄主植物眾多，每種植物所含之揮發性成分亦有所不同，本研究測試 44 種東方果實蠅寄主植物揮發性成分對東方果實蠅之誘效，試驗結果可供相關研究人員作為進一步研究之基礎。44 種供試成分中之 15 種，於室內試驗中對東方果實蠅雌蟲具誘引效果，但經後續戶外網籠試驗檢測，則僅丁酸丁酯、乙酸異戊酯、乙酸正丁酯及己酸乙酯 4 種成分對東方果實蠅雌蠅具有顯著的誘引效果，但誘捕率低於室內試驗結果。室內試驗之網籠體積較小，顯示誘餌與果實蠅間的距離與果實蠅活動空間範圍產生誘效差異，因此於室內測試的有效成分，均有必要於戶外進一步測試是否具應用潛力。

Swift (1982) 發現蘋果的揮發性成分乙酸正丁酯可有效誘引蘋果果實蠅 (*Rhagoletis pomonella Walsh*)；丁酸丁酯為香蕉與番石榴揮發性成分，可引起 *Bactrocera invadens* 雌蠅觸角電位反應 (electroantennogram detection responses) (Jiang & Song 2010; Biasazin *et al*. 2014)。

己酸乙酯為欖仁、番石榴及柑橘共有的揮發性成分，可引起 *B. invadens* 雌蠅、東方果實雌蠅及墨西哥果實蠅 (*Anastrepha ludens* Loew) 雌、雄蠅等觸角電位反應 (Malo *et al*. 2005; Siderhurst & Jang 2006; Jiang & Song 2010; Biasazin *et al*. 2014)。Biasazin *et al*. (2014) 研究指出芒果、香蕉、番石榴及柑橘共有的揮發性成分乙酸異戊酯可引起 *B. invadens* 雌蠅觸角電位反應，以上 4 種酯類經本研究亦證實對東方果實蠅雌、雄蟲亦具誘引效果。綜合上述結果顯示來自不同果實蠅寄主植物中之相同揮發性成分，可對不同種之果實蠅具有誘引效果，隱含某種的生態意義，至於是否應當著重於篩選此類共同成分，有待更多研究結果確認。

Hwang *et al*. (2002) 研究番石榴揮發性成分對東方果實蠅誘引效果，報告指出可藉由不同揮發性成分之組合來提升誘引效果，且於 50% 糖蜜溶液中添加 3% ethyl acetate 可增加誘效 2 倍且與新鮮番石榴的誘引效果無差異，顯示揮發性成分尚有增強食物餌劑誘效之作

表 3. 八種植物揮發性成分於田間網籠對東方果實蠅之誘引效果。

Table 3. Attractiveness of 8 plant volatiles to the oriental fruit fly in field cage tests.

Plant volatile	% fruit flies trapped (Mean ± SE)	
	Female	Male
Butyl butyrate	18.2 ± 2.3*[z]	16.5 ± 2.1*
Control	3.6 ± 1.2	3.3 ± 1.3
n-Butyl acetate	18.2 ± 2.9*	15.5 ± 1.3*
Control	0.9 ± 0.3	0.9 ± 0.4
β-Caryophyllene	1.8 ± 0.7	3.5 ± 1.2
Control	0.7 ± 0.3	1.4 ± 0.3
Decane	1.1 ± 0.4	2.5 ± 0.7
Control	0.5 ± 0.2	1.2 ± 0.2
Ethyl hexanoate	9.5 ± 2.0*	10.9 ± 1.2*
Control	1.5 ± 0.6	1.6 ± 0.8
Isoamyl acetate	15.1 ± 1.9*	17.8 ± 2.2*
Control	0.5 ± 0.1	1.5 ± 0.3
DL-Limonen	1.5 ± 0.5	2.2 ± 0.4
Control	0.5 ± 0.2	1.1 ± 0.1
Dimethyl disulfide	3.8 ± 3.0	3.2 ± 2.2
Control	0.8 ± 0.4	1.1 ± 0.3

[z] Asterisk indicates a significant difference from the control at $P < 0.05$ (*t*-tests SAS-EG, Version 4.1, 2006). Percentage data were arcsine transformed prior to analysis.

用。本試驗篩選出的丁酸丁酯、乙酸異戊酯、乙酸正丁酯及己酸乙酯 4 種揮發性成分於戶外網籠中經 1 d 後，對東方果實蠅雌蠅的誘捕率為 9.5–18.2%，此僅為單獨成分誘引之結果。如何藉由不同成分組合增效配方與添加至食物餌劑提高對東方果實蠅的誘殺效果，達到可以用於田間防治東方果實蠅的目的，仍需進一步探討。

引用文獻

Biasazin, T. D., M. F. Karlsson, Y. Hillbur, E. Seyoum, and T. Dekker. 2014. Identification of host blends that attract the African invasive fruit fly, *Bactrocera invadens*. J. Chem. Ecol. 40:966–976.

Chen, C. C. and Y. J. Dong. 2000. Attraction of the oriental fruit fly (*Bactrocera dorsalis* Hendel) (Diptera: Tephritidae), to leaf extracts of five plants. Chin. J. Entomol. 20:37–44 (in Chinese with English abstract)

Chen, C. C., Y. J. Dong, and L. L. Cheng. 2001. Evaluation of trapping effectiveness of the improved McPhail trap for oriental fruit fly (*Bactrocera dorsalis*) (Diptera: Tephritidae). Formosan Entomol. 21:65–75. (in Chinese with English abstract)

Hwang, J. S., Y. P. Yen, M. C. Chang, and C. Y. Liu. 2002. Extraction and identification of volatile components of guava fruits and their attraction to oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel). Plant Prot. Bull. 44:279–302. (in Chinese with English abstract)

Jang, E. B. and D. M. Light. 1996. Olfactory semiochemicals of tephritids. p.73–90. *in*: Fruit Fly Pests: A World Assessment of Their Biology and Management. (Mcpheron, B. A. and G. J. Steck, eds.) St. Lucie Press, Delray Beach. 608 pp.

Jiang, Y. and J. Song. 2010. Fruits and fruit flavor: Cassification and biological characterization. p.1–23. *in*: Handbook of Fruit and Vegetable Flavors. (Hui, Y. H., ed.) Wiley. Hoboken. 1095 pp.

Liu, Y. C. 1981. A review on studies of the Oriental fruit fly, *Dacus dorsalis* Hendel, in Taiwan. Bull. Soc. Entomol. (NCHU) 16:9–26. (in Chinese with English abstract)

Lu, F. M. 2002. Ovipositional preference of the melon Fly, *Bactrocera cucurbitae* Coquillett (Diptera: Tephritidae) (II): Analysis of extracted chemicals from fruits of the muskmelon. Formosan Entomol. 22:163–170. (in Chinese with English abstract)

Malo, E. A., C. L. Lopez, T. Jorge, D. M. Alejandro, V. Armando, and C. R. Juilo. 2005. Behavioral and electrophysiological responses of the Mexican fruit fly (Diptera: Tephritidae) to guava volatiles. Fla. Entomol. 88:364–371.

Maria, R. T., D. Fiorini, E. Marcantoni, S. Materazzi, M. Delfini, F. D. S. Roberto, and S. Musmeci. 2013. Impact of the Mediterranean fruit fly (Medfly) *Ceratitis capitata* on different peach cultivars: The possible role of peach volatile compounds. Food Chem. 140:375–381.

Siderhurst, M. S. and E. B. Jang. 2006. Female-biased attraction of oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel), to a blend of host fruit volatiles from *Terminalia catappa* L. J. Chem. Ecol. 32:2513–2524.

Siderhurst, M. S. and E. B. Jang. 2010. Cucumber volatile blend attractive to female melon fly, *Bactrocera cucurbitae* (Coquillett). J. Chem. Ecol. 36:699–708.

Swift, F. C. 1982. Field tests of visual and chemical lures for apple maggot flies. J. Econ. Entomol. 75:201–206.

Evaluation of the Attractiveness of Plant Volatiles to the Oriental Fruit Fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera: Tephirtidae)

Yaw-Jen Dong[1] and Chien-Chung Chen[2,*]

Abstract

Dong, Y. J. and C. C. Chen. 2015. Evaluating the attractiveness of plant volatiles to the oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera: Tephirtidae). J. Taiwan Agric. Res. 64(4):336–341.

Forty-four plant volatiles were tested for their attractiveness to females of the oriental fruit fly in laboratory, and 15 out of 44 volatiles significantly attracted female flies in laboratory cage tests. Butyl butyrate, isoamyl acetate, and ethyl hexanoate were the best three in these 15 volatiles; with female trapping rates of 53.5, 69.0, and 60.0%, respectively. In the following field cage tests for these 15 volatiles, butyl butyrate, isoamyl acetate, n-butyl acetate, and ethyl hexanoate showed significant attractiveness to female flies compared to the controls. The female trapping rates were 18.2, 15.1, 9.5, and 18.2%, respectively. These 4 plant volatiles deserve investigation for possible applications.

Key words: *Bactrocera dorsalis*, Plant volatiles, Attractiveness, Fruit fly control.

Received: March 3, 2015; Accepted: April 7, 2015.
* Corresponding author, e-mail: chiencc@tari.gov.tw
1 Assistant Research Fellow, Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.
2 Research Fellow, Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

台 灣 農 業 研 究

(原《中華農業研究》期刊)

第六十四卷　目次

第一期

研究報告

陳淑佩、邱一中、陳健忠、翁振宇	台灣新入侵石斛粉介殼蟲 (半翅目：粉介殼蟲科) 初報	1
林大鈞、林玉鈴、陳純葳、賴慧真、王怡雯、周思儀、王強生	利用綠螢光標定*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*偵測水稻感病過程	10
黃巧雯、楊宏仁、林靜宜、許淑麗、賴素玉、柯文琪、倪蕙芳	由*Phomopsis mangiferae*引起之檬果採收後病害發生調查及防治藥劑篩選	21
蘇俊峯、李怡靜、簡蘭懿、謝廷芳	殺真菌劑對蝴蝶蘭鐮胞菌屬病原菌的生長抑制效果評估	32
王昭月、吳明哲	利用SSR標誌進行西瓜雜交種之檢測	45
鄭　允、黃毓斌、江明耀、侯怡亘、粘君綺	生化及化學法聯檢之農藥殘留管理研究：北市模式	53

研究簡報

邱輝龍、石家宇、邱國棟	芒果 (*Mangifera indica* L.) 種原形態特性之調查與分析	64
陳金枝、江芬蘭	胡瓜嵌紋病毒火球花分離株之鑑定與檢測	74

第二期

專題論述

吳宗諺、黃哲倫、蔡淑珍	馬鈴薯茄鹼：影響因子與管理措施	81

研究報告

莊明富、羅淑芳、林靜宜	溫度對青枯病菌致病力之影響與馬鈴薯品種 (系) 對青枯病反應之初步評估	89
謝光照	白糯玉米「台農6號」之育成	99
陳純葳、許秀惠、張義璋、謝麗娟	*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*引起的水稻細菌性條斑病	109
邱健誠、謝廷芳、蔡致榮、戴廷恩	利用反應曲面法進行蝴蝶蘭種苗生理特性檢測之研究	122
鄭櫻慧、林漢釗、林鳳琪	檢測銀葉粉蝨體內南瓜捲葉病毒 (*Squash leaf curl Philippines virus*) 專一性引子開發	135
黃巧宜、周思儀、李雅琳、曾文彬、陳純葳、王強生、林大鈞	水稻白葉枯病抗性突變體接種白葉枯病菌之轉錄體學研究	145

研究簡報

曹麗玉、林照能	萵苣嵌紋病毒之多元抗血清製作與應用	159

第三期

專題論述

高景輝	穀胱甘肽與水稻環境逆境	167

研究報告

曹進義、陳威臣、吳姿穎、夏奇鈮	地黃無菌播種及微體繁殖研究	177
黃禮棟、林建志、邱相文、蔡致榮	熱泵冷凝乾燥應用研究	189
黃禮棟、林建志、邱相文	香菇微波冷凝乾燥系統研究	196
關政平、林育昌、曾清山、鄭櫻慧、鄧汀欽	使用即時定量RT-PCR於瓜類褪綠黃化病毒檢驗之評估	204
蕭淑芬、謝雨蒔、陳烈夫	應用重要-表現程度分析於農業試驗所解說媒體之成效評估	213
蕭翌柱、陳冠文	未經冷馴化之草莓腋芽超低溫冷凍保存研究	228

研究簡報

何琦琛、王順成、黃詩媖、石憲宗	台灣危害木瓜的新興害蟎	239

第四期

研究報告

陳涵葳、吳明哲、陳威臣	透氣處理對香蕉組織培養苗生長、馴化與氣孔發育之影響	243
林彥蓉、簡祥庭、金漢煊、林鉉穎、顏信沐、卓緯玄、吳東鴻、賴明信、李長沛	野生稻DNA分子標幟之開發與應用	253
張淑芬、邱輝龍、邱文良、陳建文	園藝作物野生近緣種地理資訊系統之建置與應用展望	279
王泰權、盧慧真、黃守宏、張仁育	赤帶薊馬 (*Selenothrips rubrocinctus*) 對荔枝葉片之危害與殺蟲劑藥效測試	290
郭介煒、林昆鴻、吳永培、林彥蓉、徐仁浩、許育嘉	運用分子標幟輔助選拔提升香米品系「嘉農育911303」之耐旱性	299
何佳勳、楊純明、蕭巧玲、賴明信	穀粒充實期間氣象因子對「台稉9號」產量與米質性狀之影響	317

研究簡報

董耀仁、陳健忠	東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 植物揮發性成分餌劑應用性評估	330
董耀仁、陳健忠	植物揮發性成分對東方果實蠅 [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)] 之誘效評估	336

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

(Formerly Journal of Agricultural Research of China)

Contents of volume 64

Number 1
Research Articles

Shu-Pei Chen, Yi-Chung Chiu, Chien-Chung Chen, and Jen-Yu Wong	Report on a New Invasive Species, *Pseudococcus dendrobiorum* Williams (Hemiptera: Pseudococcidae), in Taiwan	1
Da-Gin Lin, Yu-Ling Lin, Chun-Wei Chen, Hui-Chen Lai, Yi-Wen Wang, Szu-Yi Chou, and Chang-Sheng Wang	Development of an Efficient Fluorescent Visualization Method for the Detection of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* Infection in Rice Plants	10
Chiao-Wen Huang, Hong-Ren Yang, Ching-Yi Lin, Sui-Li Hsu, Su-Yu Lai, Wen-Chi Ko, and Hui-Fang Ni	Survey and Fungicides Screening for Mango Postharvest Disease Caused by *Phomopsis mangiferae*	21
Jiunn-Feng Su, Yi-Ching Lee, Lan-Yi Chien, and Ting-Fang Hsieh	Evaluation of Fungicides for Growth Inhibitions of *Phalaenopsis* Fusarium Pathogen	32
Jau-Yueh Wang and Min-Tze Wu	Identification of F_1 Hybrids in Watermelon Using SSR Markers	45
Edward Yun Cheng, Yu-Bing Huang, Ming-Yao Chiang, Yi-Hsuan Hou, and Chun-Chi Nien	The Study of Pesticide Residues Control by the Combination of AChE Screening and Chemical Analysis: The Taipei Model	53

Short Communications

Hui-Lung Chiu, Jia-Yu Shin, and Kuo-Dung Chiou	Morphological Characterization of *Mangifera indica* L. in Taiwan	64
Chin-Chih Chen and Fen-Lang Chiang	Identification and Detection of *Cucumber mosaic virus* Isolated from Bloody Lily (*Haemanthus multiflorus*)	74

Number 2
Review Article

Tsung-Yen Wu, Chen-Lun Huang, and Shwu-Jene Tsai	Glycoalkaloids in Potatoes: Impact Factors and Appropriate Managements	81

Research Articles

Ming-Fu Chuang, Shu-Fung Lo, and Ching-Yi Lin	Effect of Temperature on Virulence of *Ralstonia solanacearum* Biovars and Response of Potato Cultivars (Lines) to Bacterial Wilt	89
Guang-Jauh Shieh	Breeding of White-glutinous Maize Hybrid ‘Tainung No. 6’	99
Chun-Wei Chen, Shiow-Huey Hseu, Yih-Chang Chang, and Lih-Jiuan Hsieh	Bacterial Leaf Streak of Rice Caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* (Fang *et al.*) Swings *et al*. in Taiwan	109
Jian-Cheng Ciou, Ting-Fang Hsieh, Jyh-Rong Tsay, and Ting-En Dai	Determination of Physiological Parameters of *Phalaenopsis* Cultivars by Using Response Surface Methodology	122
Ying-Huey Cheng, Han-Chao Lin, and Feng-Chyi Lin	Development of Primers for Detection of Whiteflies Carrying Leaf Curl Disease: Causing Agents	135
Chiao-Yi Huang, Szu-Yi Chou, Ya-Lin Lee, Wen-Bin Tseng, Chun-Wei Chen, Chang-Sheng Wang, and Da-Gin Lin	Transcriptomic Analysis of a Resistant Mutant in Response to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* Infection	145

Short Communication

Li-Yu Tsao and Jaw-Neng Lin — Preparation and Application of Polyclonal Antibody on *Lettuce mosaic virus* — 159

Number 3

Review Article

Ching Huei Kao — Role of Glutathione in Abiotic Stress Tolerance of Rice Plants — 167

Research Articles

Chin-Yi Tsao, Uei-Chern Chen, Tzu-Ying Wu, and Chi-Ni Hsia — *In Vitro* Seed Germination and Micropropagation of *Rehmannia glutinosa* Libosch — 177

Li-Duhng Huarng, Jian-Jhih Lin, Hsiang-Wen Chiu, and Jyh-Rong Tsay — A Study on Heat Pump Condensation Drying System — 189

Li-Duhng Huarng, Jian-Jhih Lin, and Hsiang-Wen Chiu — A Study on Microwave Condensation Drying of Shiitake Mushroom — 196

Cheng-Ping Kuan, Yu-Chang Lin, Ching-Shan Tseng, Ying-Huey Cheng, and Ting-Ching Deng — Evaluation of a TaqMan One-Step Real-Time RT-PCR Method for the Detection of CCYV — 204

Shu-Fen Shiau, Yu-Shih Hsieh, and Lit-Fu Chan — Using Importance-Performance Analysis to Evaluate the Effectiveness of the Interpretive Media in Taiwan Agricultural Research Institute — 213

Yih-Juh Shiau and Guan-Wen Chen — Study on the Cryopreservation of Non-Cold Hardened *Fragaria* × *ananassa* Duch. Axillary Buds — 228

Short Communication

Chyi-Chen Ho, Shun-Cheng Wang, Shih-Ying Huang, and Hsien-Tzung Shih — Newly Boomed Mite Pest of Papaya in Taiwan — 239

Number 4

Research Articles

Han-Wei Chen, Min-Tze Wu, and Uei-Chern Chen — Effect of Ventilation on Growth Parameters, Acclimation and Stomatal Development in Micropropagated Banana Plantlets — 243

Yann-Rong Lin, Hsiang-Ting Chien, Han-Shiuan Chin, Hung-Ying Lin, Hsing-Mu Yen, Woei-Shyuan Jwo, Dong-Hong Wu, Ming-Hsing Lai, and Charng-Pei Li — The Development and Application of Molecular Markers of Wild Rice — 253

Shu-Fen Chang, Hui-Lung Chiu, Wen-Liang Chiou, and Chien-Wen Chen — Establishment and Application Prospect of the Geographic Information System for the Wild Relatives of Horticultural Crops — 279

Tai-Chuan Wang, Hui-Zhen Lu, Shou-Horng Huang, and JenYu Chang — Damage of Red Banded Thrips [*Selenothrips rubrocinctus* (Giard)] on Litchi Leaves and Efficacy Tests of Some Insecticides — 290

Chieh-Wei Kuo, Keung-Hung Lin, Yong-Pei Wu, Yann-Rong Lin, Jen-Hao Hsu, and Yu-Chia Hsu — Increasing Drought Tolerance of Aroma Rice 'CNY911303' Using Marker-Assisted Selection — 299

Chia-Hsun Ho, Chwen-Ming Yang, Chiao-Ling Hsiao, and Ming-Hsin Lai — Effects of Climatic Factors during Grain Filling Stage on Yield and Quality of Rice: A Case Study of Cultivar 'TK 9' — 317

Short Communications

Yaw-Jen Dong and Chien-Chung Chen	Evaluation of Plant Volatile Bait in Trapping Oriental Fruit Fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)]	330
Yaw-Jen Dong and Chien-Chung Chen	Evaluation of the Attractiveness of Plant Volatiles to the Oriental Fruit Fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera: Tephirtidae)	336

台 灣 農 業 研 究

作者索引

王怡雯 10
王昭月 45
王泰權 290
王強生 10, 145
王順成 239
石家宇 64
石憲宗 239
江明耀 53
江芬蘭 74
何佳勳 317
何琦琛 239
吳永培 299
吳宗諺 81
吳明哲 45, 243
吳東鴻 253
吳姿穎 177
李怡靜 32
李長沛 253
李雅琳 145
卓緯玄 253
周思儀 10, 145
林大鈞 10, 145
林玉鈴 10
林育昌 204
林昆鴻 299
林建志 189, 196
林彥蓉 253, 299
林照能 159
林漢釗 135
林鳳琪 135
林鉉穎 253
林靜宜 21, 89
邱一中 1
邱文良 279
邱相文 189, 196
邱健誠 122
邱國棟 64
邱輝龍 64, 279
金漢煊 253
侯怡亘 53
柯文琪 21
倪蕙芳 21
夏奇鋹 177
徐仁浩 299
翁振宇 1
高景輝 167
張仁育 290
張淑芬 279
張義璋 109
曹進義 177
曹麗玉 159
粘君綺 53
莊明富 89
許秀惠 109
許育嘉 299
許淑麗 21
郭介煒 299
陳金枝 74
陳冠文 228
陳威臣 177, 243
陳建文 279
陳烈夫 213
陳純葳 10, 109, 145
陳健忠 1, 330, 336
陳涵葳 243

陳淑佩	1
曾文彬	145
曾清山	204
黃巧宜	145
黃巧雯	21
黃守宏	290
黃哲倫	81
黃毓斌	53
黃詩媖	239
黃禮棟	189, 196
楊宏仁	21
楊純明	317
董耀仁	330, 336
蔡致榮	122, 189
蔡淑珍	81
鄧汀欽	204
鄭　允	53
鄭櫻慧	135, 204
盧慧真	290
蕭巧玲	317
蕭淑芬	213
蕭翌柱	228
賴明信	253, 317
賴素玉	21
賴慧真	10
戴廷恩	122
謝光照	99
謝廷芳	32, 122
謝雨蒔	213
謝麗娟	109
簡祥庭	253
簡蘭懿	32
顏信沐	253
羅淑芳	89
關政平	204
蘇俊峯	32

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

(Formerly Journal of Agricultural Research of China)

Authors Index

Chan, Lit-Fu	213
Chang, JenYu	290
Chang, Shu-Fen	279
Chang, Yih-Chang	109
Chen, Chien-Chung	1, 330, 336
Chen, Chien-Wen	279
Chen, Chin-Chih	74
Chen, Chun-Wei	10, 109, 145
Chen, Guan-Wen	228
Chen, Han-Wei	243
Chen, Shu-Pei	1
Chen, Uei-Chern	177, 243
Cheng, Edward Yun	53
Cheng, Ying-Huey	135, 204
Chiang, Fen-Lang	74
Chiang, Ming-Yao	53
Chien, Hsiang-Ting	253
Chien, Lan-Yi	32
Chin, Han-Shiuan	253
Chiou, Kuo-Dung	64
Chiou, Wen-Liang	279
Chiu, Hsiang-Wen	189, 196
Chiu, Hui-Lung	64, 279
Chiu, Yi-Chung	1
Chou, Szu-Yi	10, 145
Chuang, Ming-Fu	89
Ciou, Jian-Cheng	122
Dai, Ting-En	122
Deng, Ting-Ching	204
Dong, Yaw-Jen	330, 336
Ho, Chia-Hsun	317
Ho, Chyi-Chen	239
Hou, Yi-Hsuan	53
Hseu, Shiow-Huey	109
Hsia, Chi-Ni	177
Hsiao, Chiao-Ling	317
Hsieh, Lih-Jiuan	109
Hsieh, Ting-Fang	32, 122
Hsieh, Yu-Shih	213
Hsu, Jen-Hao	299
Hsu, Sui-Li	21
Hsu, Yu-Chia	299
Huang, Chen-Lun	81
Huang, Chiao-Wen	21
Huang, Chiao-Yi	145
Huang, Shih-Ying	239
Huang, Shou-Horng	290
Huang, Yu-Bing	53
Huarng, Li-Duhng	189, 196
Jwo, Woei-Shyuan	253
Kao, Ching Huei	167
Ko, Wen-Chi	21
Kuan, Cheng-Ping	204
Kuo, Chieh-Wei	299
Lai, Hui-Chen	10
Lai, Ming-Hsin	317
Lai, Ming-Hsing	253
Lai, Su-Yu	21
Lee, Ya-Lin	145
Lee, Yi-Ching	32
Li, Charng-Pei	253
Lin, Ching-Yi	21, 89

Lin, Da-Gin	10, 145
Lin, Feng-Chyi	135
Lin, Han-Chao	135
Lin, Hung-Ying	253
Lin, Jaw-Neng	159
Lin, Jian-Jhih	189, 196
Lin, Keung-Hung	299
Lin, Yann-Rong	253, 299
Lin, Yu-Chang	204
Lin, Yu-Ling	10
Lo, Shu-Fung	89
Lu, Hui-Zhen	290
Ni, Hui-Fang	21
Nien, Chun-Chi	53
Shiau, Shu-Fen	213
Shiau, Yih-Juh	228
Shieh, Guang-Jauh	99
Shih, Hsien-Tzung	239
Shin, Jia-Yu	64
Su, Jiunn-Feng	32
Tsai, Shwu-Jene	81
Tsao, Chin-Yi	177
Tsao, Li-Yu	159
Tsay, Jyh-Rong	122, 189
Tseng, Ching-Shan	204
Tseng, Wen-Bin	145
Wang, Chang-Sheng	10, 145
Wang, Jau-Yueh	45
Wang, Shun-Cheng	239
Wang, Tai-Chuan	290
Wang, Yi-Wen	10
Wong, Jen-Yu	1
Wu, Dong-Hong	253
Wu, Min-Tze	45, 243
Wu, Tsung-Yen	81
Wu, Tzu-Ying	177
Wu, Yong-Pei	299
Yang, Chwen-Ming	317
Yang, Hong-Ren	21
Yen, Hsing-Mu	253

台 灣 農 業 研 究

關鍵詞索引

RT-PCR快速檢測 74
*Xanthomonas*螢光表現系統 10
乙醯膽鹼酯酶 53
入侵害蟲 9
大暑 317
分子偵測 204
分子標幟 253
分子標幟輔助選拔 299
及時反轉錄聚合酶鏈鎖反應 204
反應曲面 122
引子 135
日均溫 317
日最低溫 317
日最高溫 317
木瓜 239
水稻 109, 145, 176, 253, 299
火球花 74
瓜類 135
瓜類褪綠黃化病毒 204
生化型 89
白葉枯病 145
白葉枯病菌 10
白檬果 21
白糯玉米 99
石斛粉介殼蟲 9
立春 317
光 81
光合作用 122
全株量測 122
地理資訊系統 279
地黃 177
血清 159
西瓜 45
免疫分析 74
冷凝乾燥 189
抗性 145
抗感病性 89
育種 99
良好農業規範 81
芒果 64
赤帶薊馬 290
兔海葵綠螢光基因 10
服務缺口 213
東方果實蠅 330, 336
果實蠅防治 330, 336
芽體誘導 177
長尾粉介殼蟲 9
青枯病菌 89
非洲真葉蟎 239
南瓜捲葉病毒 135
品種特性 122
毒效 290
突變體 145
耐旱 299
胡瓜嵌紋病毒 74
茄鹼 81
重要-表現程度分析 213
香菇 196
香蕉組織培養 243
害蟲鑑定 9
氣孔指數 243
病原菌-宿主間交互作用 10
病勢調查 10
粉介殼蟲 9

能源效率 189
草莓 228
荔枝 290
逆境 81
馬鈴薯 81
乾燥 196
動機分析 213
採收後病害 21
殺真菌劑 32
殺蟲劑 290
細菌性條斑病 109
細菌性條斑病菌 109
透氣 243
野生稻 253
單雜交種 99
植物玻璃質化溶液2 228
植物揮發性成分 336
植物揮發性成分餌劑 330
殘留量 53
無菌播種 177
超低溫冷凍保存 228
園藝作物野生近緣種 279
填充溶液 228
微波 196
微體繁殖 177
溫度 89
節氣 317
萵苣 159
萵苣嵌紋病毒 159
解說媒體 213
農藥 53
穀胱甘肽 176
穀胱甘肽 S-轉移酵素 176
穀胱甘肽過氧化酵素 176
穀胱甘肽還原酵素 176
滲透壓保護 228
滿意度調查 213
誘效 330, 336
銀葉粉蝨 135
數量性狀 64
熱泵 189
蔬果 53
蝴蝶蘭病害 32
質量性狀 64
遺傳資源 279
檢測 159
薊馬 290
簡單序列重複 45
轉移率 253
轉錄體 145
雜交種檢測 45
藥劑防治 109
藥劑篩選 21
鐮胞菌屬病原菌 32

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

(Formerly Journal of Agricultural Research of China)

Key words Index

Acetylcholinesterase 63
Antiserum 166
Attractiveness 335, 341
Bacterial blight disease 158
Bacterial leaf streak 121
Bactrocera dorsalis 341, 335
Banana tissue-culture 252
Bemisia argentifolii Bellows & Perring 144
Biovars 98
Blood lily (*Haemanthus multiflorus* Martyn.) 79
Breeding 108
Chemical control 121
Citrullus lanatus 52
Condensation drying 195
Cryopreservation 238
Cucumber mosaic virus (CMV) 79
Cucurbit chlorotic yellows virus 212
Cucurbits 144
Daily maximum air temperature 329
Daily mean air temperature 329
Daily minimum air temperature 329
Dashu (major heat) 329
Detection 166, 212
Drought tolerance 316
Drying 203
Energy efficiency 195
Eutetranychus africanus 241
Fragaria × *ananassa* Duch. 238
Fruit fly control 335, 341
Fruits and vegetables 63
Fungicide 44
Fungicides screening 31
Fusarium pathogen 44
Genetic resources 289
Geographic information system 289
Glutathione 167
Glutathione peroxidase 167
Glutathione reductase 167
Glutathione S-transferase 167
Glycoalkaloids 88
Good agricultural practice 88
Heat pump 195
Hybrid 108
Hybrids identification 52
Importance-Performance analysis 227
In vitro seed germination 188
Insecticides 298
Interpretation media 227
Invasive pest 1
Investigation of disease progress 20
Lactuca sativa L. 166
Lettuce mosaic virus 166
Lichun (start of spring) 329
Light 88
Litchi 298
Loading solution 238
Mangifera indica L. 73
Mango (*Mangifera indica*) 31
Marker-Assisted Selection (MAS) 316
Mealybugs 1
Micropropagation 188
Microwave 203

Molecular marker 278
Motivation analysis 227
Mutant 158
Osmoprotection 238
Papaya 241
Pathogen-host interaction 20
Pest identification 1
Pesticide 63
Phalaenopsis diseases 44
Phomopsis mangiferae 21, 31
Photosynthesis 134
Plant vitrification solution 2 238
Plant volatile bait 335
Plant volatiles 341
Post-harvest diseases 31
Potato 88
Primer 144
Pseudococcus dendrobiorum 1
Pseudococcus longispinus 1
Qualitative traits 73
Quantitative traits 73
Ralstonia solanacearum 98
Rapid detection with RT-PCR 79
Real-time RT-PCR 212
Rehmannia glutinosa Libosch 188
Residues 63
Resistance 158
Resistant 98
Response surface methodology 134
Rice 121, 158, 167, 278, 316
Satisfaction questionnaire 227
Selenothrips rubrocinctus 298
Serological assay 79
Service gap 227
Shiitake mushroom 203
Shoot induction 188
Simple sequence repeat 52
Solar term 329
Squash leaf curl Phillipines virus (SLCPHV) 144
Stomatal index 252
Stress 88
Temperature 98
Thrips 298
Toxicity 298
Transcriptomes 158
Transferability 278
Variety characteristics 134
Ventilation 252
White-glutinous maize 108
Whole-plant measurement 134
Wild relatives of horticultural crops 289
Wild rice 278
Xanthomonas fluorescent expression system 20
Xanthomonas oryzae pv. *oryzae* 20
Xanthomonas oryzae pv. *oryzicola* 121
ZsGFP gene 20

台灣農業研究　評閱者名單

第 64 卷 (2015)

尤進欽
國立宜蘭大學園藝學系

王俊豪
國立台灣大學生物產業傳播暨發展學系

古新梅
國立中興大學農藝學系

江秀娥
農業試驗所農業經濟組

吳文哲
國立台灣大學昆蟲學系暨研究所

呂秀英
苗栗區農業改良場

李國譚
國立台灣大學園藝暨景觀學系

杜宜殷
國立台灣大學園藝暨景觀學系

岳修平
國立台灣大學生物產業傳播暨發展學系

林大鈞
農業試驗所生物技術組

林正亮
國立嘉義大學生物機電工程學系

林彩雲
國立清華大學生命科學系

姚銘輝
農業試驗所農業工程組

柯俊成
國立台灣大學昆蟲學系暨研究所

段淑人
國立中興大學昆蟲學系

洪挺軒
國立台灣大學植物病理與微生物學系暨研究所

洪傳揚
國立台灣大學農業化學系

胡澤寬
國立中興大學農藝學系

唐立正
國立中興大學昆蟲學系

高景輝
國立台灣大學農藝學系

張永和
靜宜大學食品營養系

張念台
國立屏東科技大學植物醫學系

張哲瑋
農業試驗所嘉義分所園藝系

莊益源
國立中興大學昆蟲學系

郭昭麟
中國醫藥大學中國藥學暨中藥資源學系

郭章信
國立嘉義大學生物資源學系

陳文華
國立屏東科技大學植物醫學系

陳良築
國立中興大學分子生物學研究所

陳京城
國立中興大學園藝學系

陳宗禮
國立中興大學農藝學系

陳凱儀
國立台灣大學農藝學系

陳福旗
國立屏東科技大學農園生產系

曾國欽
國立中興大學植物病理學系

黃文理
國立嘉義大學農藝學系

黃世宏
財團法人台灣香蕉研究所

黃振康
國立台灣大學生物產業機電工程學系

楊江益
國立宜蘭大學生物機電工程學系

葉文斌
國立中興大學昆蟲學系

詹富智
國立中興大學植物病理學系

劉滄棽
農業試驗所農業化學組

劉瑞芬
國立台灣大學植物病理與微生物學系

歐錫坤
農業試驗所作物組

蔡文錫
國立嘉義大學植物醫學系

蔡志濃
農業試驗所植物病理組

蔡佳欣
農業試驗所植物病理組

蔡新聲
朝陽科技大學生化科技研究所

鄧文玲
國立中興大學植物病理學系

鄧汀欽
農業試驗所植物病理組

盧福明
國立台灣大學生物產業機電工程學系

蕭文鳳
國立嘉義大學植物醫學系

戴淑美
國立中興大學昆蟲學系

謝清祥
國立屏東科技大學農園生產系

鍾文鑫
國立中興大學植物病理學系

關政平
農業試驗所生物技術組

蘇正德
東海大學食品科學系

Reviewers, Journal of Taiwan Agricultural Research

Volume 64, 2015

Chang, Jer-Way
Department of Horticulture, Chiayi Agricultural Experiment Station

Chang, Niann-Tai
Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

Chang, Yung-Ho
Department of Food and Nutrition, Providence University

Chen, Ching-Cheng
Department of Horticulture, National Chung Hsing University

Chen, Chung-Li
Department of Agronomy, National Chung Hsing University

Chen, Fure-Chyi
Department of Plant Industry, National Pingtung University of Science and Technology

Chen, Kai-Yi
Department of Agronomy, National Taiwan University

Chen, Liang-Jwu
Graduate Institute of Molecular Biology, National Chung Hsing University

Chen, Wen-Hua
Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

Chiang, Hsiu-E
Department of Agricultural Economics, Taiwan Agricultural Research Institute

Chuang, Yi-Yuan
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Chung, Wen-Hsin
Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University

Dai, Shu-Mei
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Deng, Ting-Chin
Division of Plant Pathology, Taiwan Agricultural Research Institute

Deng, Wen-Ling
Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University

Do, Yi-Yin
Department of Horticulture and Landscape Architecture, National Taiwan University

Hong, Chwan-Yang
Department of Agricultural Chemistry, National Taiwan University

Hsiao, Wen-Feng
Department of Plant Medicine, National Chiayi University

Hsieh, Ching-Hsiang
Department of Plant Industry, National Pingtung University of Science and Technology

Hu, Tzer-Kaun
Department of Agronomy, National Chung Hsing University

Huang, Chen-Kang
Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

Huang, Shih-Hong
Taiwan Banana Research Institute

Huang, Wen-Li
Department of Agronomy, National Chiayi University

Hung, Ting-Hsuan
Department of Plant Pathology and Microbiology, National Taiwan University

Jan, Fuh-Jyh
Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University

Kao, Ching-Huei
Department of Agronomy, National Taiwan University

Ko, Chiun-Cheng
Department & Graduate Institute of Entomology, National Taiwan University

Ku, Hsin-Mei
Department of Agronomy, National Chung Hsing University

Kuan, Cheng-Ping
Division of Biotechnology, Taiwan Agricultural Research Institute

Kuo, Chang-Hsin
Department of Biological Resources, National Chiayi University

Kuo, Chao-Lin
Department of Chinese Pharmaceutical Sciences and Chinese Medicine Resources, China Medical University

Li, Kuo-Tan
Department of Horticulture and Landscape Architecture, National Taiwan University

Lin, Da-Gin
Division of Biotechnology, Taiwan Agricultural Research Institute

Lin, Jeng-Liang
Department of Biomechatronic Engineering, National Chiayi University

Lin, Tsai-Yun
Department of Life Sciences, National Tsing Hua University

Liou, Ruey-Fen
Department of Plant Pathelogy and Microbiology, National Taiwan University

Liu, Tsang-Sen
Division of Agricultural Chemistry, Taiwan Agricultural Research Institute

Lu, Fu-Ming
Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

Lu, Hsiu-Ying
Miaoli District Agricultural Research and Extension Station

Ou, Shyi-Kuan
Division of Crop Science, Taiwan Agricultural Research Institute

Su, Jeng-De
Department of Food Science, Tunghai University

Tang, Li-Cheng
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Tsai, Chia-Hsin
Division of Plant Pathology, Taiwan Agricultural Research Institute

Tsai, Jyh-Nong
Division of Plant Pathology, Taiwan Agricultural Research Institute

Tsai, Wen-Shi
Department of Plant Medicine, National Chiayi University

Tsay, Hsin-Sheng
Graduate Institute of Biochemical Sciences and Technology, Chaoyang University of Technology

Tuan, Shu-Jen
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Tzeng, Kuo-Ching
Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University

Wang, Jiun-Hao
Department of Bio-Industry Communication and Development, National Taiwan University

Wu, Wen-Jer
Department & Graduate Institute of Entomology, National Taiwan University

Yang, Chiang-Yi
Department of Biomechatronic Engineering, National Ilan University

Yao, Ming-Hwi
Division of Agricultural Engineering, Taiwan Agricultural Research Institute

Yeh, Wen-Bin
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Yiu, Jinn-Chin
Department of Horticulture, National Ilan University

Yueh, Hsiu-Ping
Department of Bio-Industry Communication and Development, National Taiwan University

「台灣農業研究」稿約

一、 本刊為行政院農業委員會農業試驗所發行之學術性期刊 (季刊)，刊登國內、外農業試驗研究相關之研究稿件：

專題論述：由本所期刊編審會邀請專家撰寫。

研究報告：關於農業科學未曾發表之研究報告，按題目、作者、摘要、前言、材料與方法、結果、討論、結論 (一般略去，或併入討論)、誌謝 (可略去)、引用文獻等依序撰寫，表與圖附於其後，全文以不超過10印刷頁為原則。其中，'結果'與'討論'如有必要，可合併成'結果與討論'。

研究簡報：關於農業科學未曾發表之簡短原始研究報告，不須分章節撰寫(亦可參照研究報告次序)，但須附中英文摘要，全文以不超過4印刷頁為原則。

二、 稿件應以中文或英文撰寫，以文書軟體MS WORD®格式儲存成檔案 (檔案類型以Word 97-2003或以上版本文件為佳)。文稿以A4大小 (長29.6公分，寬21公分) 兩倍行高 (double space) 繕打，加行號，12號字體，左邊對齊，版面應預留上下3公分，左右2公分之空間，並自第二頁起在右下角以阿拉伯數字註明頁數。撰寫時，中文以細明體、英文以Times New Roman字體打字；英文字距及句距皆一字節。

三、 投稿者在本刊線上投審系統首頁點選'投稿者區域'，在一般稿件提交區點選'作者提交新稿件'進入，確認及點選稿件已依照稿約撰寫無誤後，下一步即填寫稿件資料，務請填寫封面信函，再依序填寫作者資料、上傳檔案及確認提交。

四、 稿件格式：

題　　目：宜簡短，能充分反應文旨，並附簡題 (Running title) (中文12字；英文6字以內為原則)。英文題目除介系詞、連接詞等字外，每字第一字母應大寫。報告如有機關所屬編號，請列於誌謝。

作　　者：作者姓名置中，作者二人或二人以上時，以中文一全形空格間隔之；英文姓名則名在前姓氏在後，作者二人或二人以上時，以 " , " 相隔，最後一人前加 "and" 字樣，其表示方法如Chen-Seng Huang, Chen-Chang Chen, and Chyr-Guan Chen。每一作者須附小註，以說明所屬機關單位與職稱，通訊作者附予星號" * "，並須附電子郵件信箱。題目與作者同置第一頁。

摘　　要：不分段落、宜簡潔明確。摘要之前應加作者、年代、題目、期刊、及卷期，摘要之後應附關鍵詞 (Key words)，關鍵詞不超過五個，每個英文關鍵詞第一字母應大寫。摘要以不超過五百字為原則。以中 (英) 文發表者須附英 (中) 文摘要，置於本文之後，且內容須與中 (英) 文摘要相符，並附通訊作者、作者之小註。

本　　文：依序為前言 (INTRODUCTION)、材料與方法 (MATERIALS AND METHODS)、結果 (RESULTS)、討論 (DISCUSSION)、結論 (CONCLUSIONS)、誌謝 (ACKNOWLEDGMENTS)、引用文獻 (REFERENCES)。除學名、專有名詞、化學式、數學公式、數字、度量衡單位及縮寫外，文句中不得中外文並用，需使用英 (外) 文以助明瞭時，須將英 (外) 文括號置於中文之後。材料與方法、結果兩部分如有必要須分段 (節)，每一段內並可再分小段，以助明瞭文稿內容。各段題目 (heading) 單行置於該段之前，小段題目 (subheading) 直接置於小段之首。如因結果繁複不易聯接討論，可合併成'結果與討論 (RESULTS AND DISCUSSION)'。

表　　格：

1. 每一表格應分別繕製，須以MS WORD®中 “表格” 工具製作，上方須有標題，以句點結尾，並按文中出現順序加上**表1. (Table 1.)**，**表2. (Table 2.)** 等冠號。
2. 中文稿之表格標題應中英文並列，冠號與表幅齊頭，表內項目及內容以英文書寫。英文標題及各欄英文細目，除第一字之第一字母大寫外，餘均小寫。單位使用SI units (如 g L^{-1}、Mg ha^{-1})，一律單數、英文字母。
3. 表格應加分析、簡化與歸納後始可列表。每一表格應在文中標示清楚，以便對照，且每一表格應單頁製作。
4. 表中內容如需說明，均須附加小註，以z, y, x,…等縮小小寫字母置於右上角，並於表下依次敘述。表格僅列橫線。星號“* (5%顯著性水準)”、“** (1%顯著性水準)”保留統計顯著性使用。
5. 性質類同之圖與表，務請精簡與合併。

圖　　片：

1. 手繪圖版以黑色墨水於白色紙上分別繪製，掃描後存成JPG電子檔 (或JPEG電子檔) 上傳。如以電腦繪圖，力求清晰，亦存成JPG檔 (或JPEG檔) 上傳，或直接貼於本文之後。請勿使用MS Office內建軟體繪圖，建議使用專業繪圖軟體 (如Sigma Plot) 繪製。
2. 圖中所有標示應以英文書寫 (Arial字型) 或註明於標題之後小標一律以(A), (B), (C),......編號，分類學則可以1, 2, 3,......標示。
3. 照片以光面紙為原則，清晰度以縮小50%可判讀為宜。多幅照片儘量製成併版；如有特別指明，應加圈或箭頭表明。顯微照相，應加比例尺大小；照片大小以不超過版面 (25 cm x 18 cm) 為宜，掃描後存成JPG檔 (或JPEG檔) 上傳，解析度300 dpi或以上，並直接貼於本文之後。
4. 圖版及照片應有標題，並按文中出現的順序加上 **(圖1) (Fig. 1)**、**(圖2) (Fig. 2)** 等冠號，在文中須標示清楚，以便對照。中文稿標題應中英文併列，英文稿標題以英文書寫即可，力求明確。
5. 除併圖外，每一圖片應單頁製作。
6. 圖版及照片未達印製之解析度要求，文稿將不予刊登。

誌　　謝：不分段落，包括人物、經費來源、報告之機關賦予編號等。誌謝可略去。

引用文獻：

1. 列舉確實曾引用之文獻。文獻以登載於學術性期刊、書籍、研討會之文章及學位論文為限 (不含推廣報告)，如引用網路學術性報告，須加註瀏覽、下載日期及網址路徑。文中涉及引用文獻時，根據該文獻的作者與年代加以括號：如 (Sung 1991)、(Lo 1991, 1992)、(Chen & Ho 1983)、(Sung 1991; Hsu *et al*. 1992)，以年代先後為序置於引用文處。
2. 文獻一律以英文撰寫，以姓名字母為序。作者相同時以年代先後為序。
3. 文獻之書寫方法以期刊為例，依序為作者、年代、題目、期刊、卷數、頁數。在每卷每期之頁碼都從數字 1開始的期刊，才必須加上期數。
4. 期刊名須依該期刊公告之縮寫撰寫；如無者，請參照Biosciences Information Service (1992) 出版之 “Serial Sources for the BIOSIS Previews Database” 或依該學術領域之慣例撰寫。

5. 文獻書寫範例如下：

(1) 原中文報告引用文獻出自學術性期刊

Hsu, S. H., T. Y. Chung, T. C. Kuo, and S. F. Wang. 1992. Studies on the micro-climate of greenhouse. I. Light environment of greenhouse. J. Agric. China 157:34–43. (in Chinese with English abstract)

(2) 原中文報告引用文獻出自著作性書籍

Sung, J. M. 1991. Nitrogen Metabolism of Rice. Chinese Agronomy Press. Taipei. 100 pp. (in Chinese)

(3) 原中文報告引用文獻出自編輯性書籍

Yang, C. M. and C. Y. Lin. 2003. Studies on rice precision farming system. p.1–12. *in*: Rice Precision Farming System. (Yang, C. M. and C. Y. Lin, eds.) Taiwan Agric. Res. Inst. Pub. No. 105. Taichung, Taiwan. 252 pp. (in Chinese with English abstract)

(4) 原中文報告引用文獻出自研討會專刊

Chang, C. A. 2001. Application and extension of virus-free seedling for the control of virus diseases of passion fruit in Taiwan. p.31–38. *in*: Proceeding of Symposium on Application of Healthy Plant for Control of Plant Diseases. November 24, 2001. Taichung, Taiwan.Taiwan Phytopathol. Soc. Publ., Taichung. (in Chinese with English abstract)

(5) 原報告引用文獻出自特定網頁資料

Lehtomäki, A. 2006. Biogas production from energy crops and crop residues. Jyväskylä Stud. Biol. Environ. Sci. 163. Univ. of Jyväskylä, Jyväskylä, Finland. https://jyx.jyu.fi/dspace/bitstream/handle/123456789/13152/9513925595.pdf (visit on 12/16/2014)

五、 單位、縮寫格式、括號及統計分析

1.凡文中出現之數值，除非另有特別之意義，一律用阿拉伯數字書寫。數字在句首之英文稿，改以文字表示。單位則用國際公認標準符號 (SI units) 代替全文，各常用之縮寫單位參照說明如下：

(1) 長度：公里 (km)、公尺 (= 米) (m)、公分 (= 厘米) (cm)、公釐 (= 毫米) (mm)、微米 (μm)。

(2) 重量 (W)：公噸 (Mg)、公斤 (kg)、公克 (g)、毫克 (mg)、微克 (μg)。

(3) 容積 (V)：公升 (L)、公撮 (= 毫升) (mL)、微升 (μL)。

(4) 面積：公頃 (ha)、平方公尺 (m^2)、平方公分 (cm^2)。

(5) 溫度：攝氏 (℃)、絕對溫度 (K，但須加以說明)。

(6) 時間：日 (天) (d)、時 (h)、分 (min)、秒 (s)。

(7) 濃度：莫耳 (M)、千分之一莫耳 (mM)、當量 (N)、千分之一當量 (mN)。

(8) 重力加速度：*g*。

(9) 分子量：kDa。

(10) 肥料三要素: 如以肥料種類N-P_2O_5-K_2O，如以元素N-P-K。

2.其他之縮寫：平均 (*avg*.)、大約 (*ca*.)、直徑 (diam.)。

3.括號：括號字型全以半形 ( )，括號前後各空一格。

4.統計分析：達顯著性水準以*、**或處理間顯著差異區分，以a、b、c、…表示者均應加註顯著機率值*P* (例如$P < 0.01$)；各統計量請採慣用符號，例如相關係數 (*r*) 、決定係數 (R^2)、變異係數 (cv)、標準差 (sd)、平均值標準差 (se) 等。

5.其他問題：

(1) 單位與其前面數值之間應空一格，如220 g。

(2) 數學運算符號與其前後數值之間應各空一格，如$P = 0.014$、23.6 ± 3.0、15×2。

(3) 在 ±、× 或to的前後兩數值若是含有單位，請用23.6% ± 3.0%、15 cm × 2 cm、20℃ to 30℃ (即勿省略前面數值之單位)。

(4) 數值起迄符號用– (半型破折號；EN Dash)，勿用 ~ 或 -，且與前後兩數值之間無須留空格，如3–6、2005–2007年、7月20–25日。

(5) 年代一律用西元。

(6) 濃度與容量單位使用mg L^{-1} (勿用ppm)。

(7) 轉速單位使用× *g* (勿用rpm)。

六、 其他注意事項

1. 本刊採網路線上投審，來稿請至本刊線上投審系統網址 (http://aspers.airiti.com/JTAR)進行投稿作業，投稿前務請詳閱稿約及投稿須知，並可參閱最新一期報告。
2. 生物學名以斜體字表示，屬名第一字母大寫。學名於摘要、本文、每一圖表中第一次出現時，須寫全名，如*Citrus sinensis*；第二次出現時，屬名保留第一字母後加句點 “.”，種名全寫，如*C. sinensis*。生物學名於本文中首次出現時應加註命名者。
3. 中文稿件中，外文名詞應儘量翻譯成中文，若是不常見名詞應於文中第一次出現時以括號標出原文。摘要及本文中，英文縮寫於第一次出現時，須附全名。圖版及照片如有英文縮寫，應於標題中附全名，表格內之英文縮寫，須於小註附全名。
4. 農作物品種名須加上單引號，中文用「」(如水稻「台稉9號」、木瓜「台農2號」)，英文用‘’ (如rice ‘TK9’, papaya ‘TNG2’)。

七、 投稿方式

1. 稿件內容務須依照上列規定格式書寫及線上投稿，本期刊編審會保有修改與退稿之權利。文稿經本期刊接受後，由作者負責前二校。除筆誤與錯字外，作者在校稿時，不得擅自更改內容與數據。
2. 投稿前請詳閱稿約及參見最一期刊登報告，投審稿件程序請上網參閱本期刊網址：http://aspers.airiti.com/JTAR。

八、 投稿本期刊之稿件，不得投稿其他刊物。稿件經本期刊接受後，刊登權屬發行單位農業試驗所所有，非經本所書面同意，不得轉載或移轉他處發表。本期刊具專屬版權，恕不受理一稿兩投之文章 (已刊載或投寄國內外有版權刊物之文章，請勿再投稿本刊)。若有上述情事除依相關法律處理責由作者自負外，本刊將列入紀錄永不受理其投稿。

九、 本刊以黑白印製為原則，彩圖經編審會同意得以彩色編印。本期刊彩圖編印收費標準調整如下表，由作者自行向廠商支付，未付清前稿件將不予刊登。

彩圖編印收費標準：

總張數	總價 (元)	計價公式
1	5,000	5,000 × 1
2	7,000	5,000 × 1 + 2,000 × 1
3	9,000	5,000 × 1 + 2,000 × 2
4	11,000	5,000 × 1 + 2,000 × 3
5	13,000	5,000 × 1 + 2,000 × 4
6 張以上	14,500 起	5,000 × 1 + 2,000 × 4 + 1,500 × (n – 5)

十、 其他未盡事宜本期刊得隨時修正或補充。

Instructions to Authors

Journal of Taiwan Agricultural Research (revised on 1 November 2015)

General Information

The *Journal of Taiwan Agricultural Research* (JTAR) is published four issues annually by the Taiwan Agricultural Research Institute (TARI). Researchers and scientists willing to make the contribution in the fields of agricultural development by publishing their full papers of original research, reviews, or short communications in the Journal are highly welcome and appreciated. Research staff affiliated with TARI is not a requirement for publishing in JTAR. All manuscripts should be submitted online at the Journal's website, http://aspers.airiti.com/JTAR. Follow its instructions. Submissions to JTAR must not simultaneously submit to any other scientific or technical journal.

Scope

After critical review and approval by the editorial board, JTAR publishes articles in plant science; biotechnology; agricultural chemistry; plant protection; agricultural engineering; agricultural economics and extension; industrial strategic management; biostatistics; and bioinformatics. Articles reporting experimentation or research findings in these fields will be peer-reviewed as research articles. Short articles (no more than 4 printed pages) concerned with experimental techniques, results, or unique phenomena will be peer-reviewed as short communications. Review articles will be under invitation by the editorial board of JTAR.

Style

See the latest issue of JTAR for style and layout. General rules are as follows:

- All abbreviations should be defined at the first mention and in tables and figures, and be used throughout the entire article.
- The Latin names of organisms (e.g., plants, pathogens, insects and pests) must always list when appeared at first appearance (in Abstract or text). Give the complete binomial and authorities.
- At first listing both the common and chemical names of pesticides must be given.
- SI units must be used in the manuscript.
- Use the 24-h time system (e.g., 0200 and 1400) and abbreviate dates such as 3 October 2015 or 10/03/2015.
- Except when used with units, spell out numbers one through nine. Put commas for the decimal separator (e.g., 1,356,078 and 6,078) and place a zero before the decimal point (e.g., 0.6078 and 0.078).

Preparation of Manuscript Files

All submitted manuscript files should write in Chinese or English and save it in Microsoft Word 97-2003 or later versions (.doc files or .docx files). Other word processing software is not accepted. High-resolution figure files may be included in manuscript and submitted separately in forms of .jpg files

or .doc files or .docx files, one figure per file. Do not use word processing features such as automated bulleting and numbering, head and subhead formatting, or internal linking. Text should be typed in A4 size (29.6 cm long, 21 cm wide) in double-spaced and be numbered and aligned to the left side, while tables use single-spaced. Only one font and size (font no. 12) is used. Provide the document with an upper and lower margin of 3 cm and a left and right margin of 2 cm. Starting from the second page, indicate the page number on the lower right corner. When typing the manuscript, use the font of MingLiu (細明體) for Chinese and Times New Roman for English. Leave a single space between each English word and sentence.

The author submitting the manuscript should click on "Authors" on the front page of Journal's Online Submission and Review System. Under "Author" page, click "Submit a new manuscript". Confirm submission checklist and then complete the information related to the manuscript including a cover letter. Follow the sequence and instructions to fill out and upload the information.

JTAR adopts a double-blind review for all submitted manuscripts. Reviewers will be able to download the submitted files that authors upload to the system. There are three main types of articles published by JTAR, i.e., "Reviews", "Research Articles", and "Short Communications."

Reviews. A review article is invited by editors of JTAR and will be reviewed and revised to assure an appropriate style and content.

Research Articles. Write a research article according to the mentioned scope in the following sequence: title, author(s), abstract, and text. Attach tables, figure captions, and figures at the end of text. In general, each manuscript should not exceed 10 printed pages.

Short Communications. An article that has a size less than 4 printed pages concerned with experimental techniques, results, or unique phenomena may be published as a short communication when accepted.

Title. A title highlights the subject and purpose of the article briefly but clearly. Use common names of crops, avoid abbreviations, and limit words where possible. Except prepositions and connectives, capitalize each word in the English title. Write down the suggested running title, with no more than twelve Chinese characters or six English words, in the next sentence.

Author. List names of all authors below the title and place an asterisk after the corresponding author. The next sentence lists professional titles, institutions and complete addresses of all authors. Provide e-mail address of the corresponding author. Place title and author(s) on the same page.

Abstract. Each article has a single self-contained paragraph, containing the rationale, objectives, methods, results, and their meaning or scope of application specifically. Identify the important details to interpret the results but try not to exceed five hundred words. Do not cite references and avoid equations. In the next sentence, include no more than five key words and capitalize the first letter of each word. If the manuscript written in Chinese (English), place English (Chinese) abstract after the main text of the manuscript.

Text. The text includes the following sections in sequence: INTRODUCTION, MATERIALS AND METHODS, RESULTS, DISCUSSION, CONCLUSIONS (optional), ACKNOWLEDGMENTS (may be omitted), and REFERENCES. If required, combine the results and discussion section into "RESULTS

AND DISCUSSION", and incorporate the conclusions into the discussion. If there is an appendix, place it before the references. Except necessary, do not mix English with other languages. If required, place headings and subheadings at the head of paragraphs of the sections MATERIALS AND METHODS and RESULTS.

Tables. Prepare tables with the tables feature of MS WORD®; do not use tab keys, space bars, or graphics boxes. Number tables consecutively with one table per page. Place tables at the end of text. Each datum needs to be contained in a defined cell. Table heads should be complete and self-contained but brief. All variables should be defined and abbreviations be spelled out in table footnotes. Follow the order of z, y, x, w, v, u,…. The *, **, and *** are used only to show statistical significance at the 0.05, 0.01, and 0.001 probability levels, respectively. Lack of significance indicates as NS. Asterisks or letters next to values indicate statistical significance and should align them in the same cell as the value. All footnotes should be set on separate lines. Capitalize only the first word in a row of the body of a table with the exception of proper nouns. Use only SI units (e.g., $\mu g\ L^{-1}$ and $Mg\ ha^{-1}$) in the singular forms.

Figures. Provide clear contrast figures in high-resolution JPG files (≧ 300 dpi) and upload them on-line as individual files and attach them after tables; one figure one page. Keep relative sizes of symbols, letters, and numbers as the original should be larger than the intended final size. Use English for letters in Arial font. Explain curves or symbols in a legend within the figure. JTAR will publish figures in black and white. Color figures, images, photos or maps are subject to the agreement of the editorial board and fee must be paid before the manuscript is published in the journal. Photographs and drawings for graphs and charts should be prepared with good contrast of dark and light and no more than the size of 25 cm × 18 cm. Use English for figure captions and separate captions for figures. A caption should be concise but given in sufficient detail. Define the crop or soil involved, the major variables presented, the place and year, and the abbreviations and symbols used in the caption. Indicate the scale for illustrations.

Acknowledgments. If required, provide it in a single paragraph. List institutional sponsors, the institutional article number, and contribution acknowledgment.

References. The reference section lists published literature and unpublished reports, theses, and dissertations cited in the manuscripts. Alphabetize the list by the surnames of the first author, followed by the other authors. Cite unpublished data, personal communications, and reports in the text only (in parentheses). Give the authors, year, complete article title, abbreviated journal title, volume number, and inclusive pages for journal articles. Give the authors, year, chapter title, pages, complete book title, book editor, publisher, and place of publication for book chapters. Add also the place and date of the conference for proceedings. For electronic references and others, see the current issues of JTAR. Single author references precede multiple-author references for the same first author. Use chronological order for references with identical authorship. Add a lowercase letter (i.e., a, b, c, etc.) to the year to identify same-year or multiple-author references for text citation. Write the author and year of the cited references inside parentheses; for example, (Chen & Ho 1983; Sung 1991; Hsu *et al.* 1992). Refer to the "Serial Sources for the BIOSIS Previews Database" published by Biosciences Information Service (1992) for the abbreviations of an academic journal. Some reference examples:

- Reference from an academic journal written in Chinese:
  Hsu, S. H., T. Y. Chung, T. C. Kuo, and S. F. Wang. 1992. Studies on the micro-climate of greenhouse. I. Light environment of greenhouse. J. Agric. Res. China 157:34–43. (in Chinese with English abstract)
- Reference from a book written in Chinese:
  Sung, J. M. 1991. Nitrogen Metabolism of Rice. Chinese Agronomy Press. Taipei. 100 pp. (in Chinese)
- Reference from an edited book written in Chinese:
  Yang, C. M. and C. Y. Lin. 2003. Studies on rice precision farming system. p.1–12. *in*: Rice Precision Farming System. (Yang, C. M. and C. Y. Lin, eds.) Taiwan Agric. Res. Inst. Pub. No. 105. Taichung, Taiwan. 252 pp. (in Chinese with English abstract)
- Reference from a proceedings written in Chinese:
  Chang, C. A. 2001. Application and extension of virus-free seedling for the control of virus diseases of passion fruit in Taiwan. p.31–38. *in*: Proceeding of Symposium on Application of Healthy Plant for Control of Plant Diseases. Taichung, Taiwan. November 24, 2001. Taiwan Phytopathol. Soc. Publ., Taichung. (in Chinese with English abstract)
- Reference from a website:
  Lehtomäki, A. 2006. Biogas production from energy crops and crop residues. Jyväskylä Stud. Biol. Environ. Sci. 163. Univ. of Jyväskylä, Jyväskylä, Finland. https://jyx.jyu.fi/dspace/bitstream/handle/123456789/13152/9513925595.pdf (visit on 12/16/2014)

Units, Abbreviations, and Statistical Analysis

Use the SI system (Systéme International de Unités) in JTAR. Some commonly used abbreviated units:

- Length: kilometers (km), meter (m), centimeter (cm), millimeter (mm), micrometer (μm)
- Weight (W): ton (Mg), kilogram (kg), gram (g), milligram (mg), microgram (μg)
- Volume (V): litre (L), millilitre (mL), microlitre (μL)
- Surface: hectare (ha), square meter (m^2)
- Temperature: Celsius (℃), absolute temperature (K, but must be indicated)
- Time: day (d), hour (h), minute (min), second (s)
- Concentration: mole (M), millimole (mM), normal (N), millinormal (mN)
- Gravitational acceleration: *g*
- Molecular weight: kDa
- Three macronutrients in fertilizers: element─N-P-K ; equaivalent quantity─$N\text{-}P_2O_5\text{-}K_2O$

  Other abbreviations:
- Average: *avg*.
- Approximate: *ca*.
- Diameter: diam.
- Concentration: e.g. mg L^{-1}.
- Frequency of a rotation: × *g*.

Statistical analysis. Manuscripts should contain enough details of experimental design so that the results can be judged for validity and repeatability. The symbols * and ** are used to show differences in statistical significance. Add *P* value (e.g. $P < 0.01$) when a, b, c… are used to classify statistical significance. Examples of commonly used symbols: *r* for correlation coefficient, R^2 for coefficient of determination, cv for coefficient of variation, sd for standard deviation, and se for standard error.

Accepted Manuscripts

When a submitted manuscript is accepted, corresponding author will receive notification from an editor or editor-in-chief, and the accepted files will be used for press. Authors are responsible for obtaining all permissions for use of materials in the manuscripts from other publishers and should notify the editor at the time the manuscript is accepted. JTAR reserves the right to publish and republish any parts submitted with a manuscript.

Plagiarism

Manuscripts may be screened for plagiarism upon submission. If there appears significant duplicate content with other sources, the manuscript will be forwarded to the journal editor for evaluation and action.

Editorial Board

Editor-in-Chief

Yang, Chwen-Ming
Division of Crop Science, Taiwan Agricultural Research Institute

Editors

Ann, Pao-Jen
Division of Plant Pathology, Taiwan Agricultural Research Institute

Chen, Chi-Chung
Department of Applied Economics, National Chung Hsing University

Chen, Chien-Chung
Division of Applied Zoology, Taiwan Agricultural Research Institute

Chen, Chiling
Division of Agricultural Chemistry, Taiwan Agricultural Research Institute

Chen, Chung-Li
Department of Agronomy, National Chung Hsing University

Chen, Fure-Chyi
Department of Plant Industry, National Pingtung University of Science and Technology

Chen, Suming
Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

Chien, Li-Hsien
Department of Applied Economics, National Chung Hsing University

Guo, Horng-Yuh
Division of Agricultural Chemistry, Taiwan Agricultural Research Institute

Hou, Feng-Nan
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Huang, Jenn-Wen
Department of Plant Phathology, National Chung Hsing University

Huang, Chao-Chia
Division of Crop Science, Taiwan Agricultural Research Institute

Huang, Pung-Ling
Department of Horticulture & Landscape Architecture, National Taiwan University

Kao, Ching Huei
Department of Agronomy, National Taiwan University

Ko, Wen-Hsiung
Department of Plant Pathology, National Chung Hsing University

Lu, Hsiu-Ying
Miaoli District Agricultural Research and Extension Station

Ou, Shyi-Kuan
Division of Crop Science, Taiwan Agricultural Research Institute

Shen, Yuan
Department of Soil & Environmental Sciences, National Chung Hsing University

Su, Jeng-De
Department of Food Science, Tunghai University

Tsay, Hsin-Sheng
Graduate Institute of Biochemical Sci. & Technol., Chaoyang University of Technology

Tsay, Jyh-Rong
Taiwan Agricultural Research Institute

Tseng, Menq-Jiau
Department of Horticulture, National Chung Hsing University

Wang, Chan-Sen
Department of Agronomy, National Chung Hsing University

Wu, Hung-Pan
Institute of Plant & Microbial Biology, Academia Sinica

Editorial Assistants

Chen, Siang-Jiun
Editorial Office of Journal of Taiwan Agricultural Research

Lee, Miao-Jyun
Editorial Office of Journal of Taiwan Agricultural Research

Wu, Yi-Yan
Division of Technical Service, Taiwan Agricultural Research Institute

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

Vol. 64 No. 4 December 15, 2015

Published by Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture

Publisher	Junne-Jih Chen
Editor-in-Chief	Chwen-Ming Yang
Address	No.189, Zhongzheng Rd., Wufeng Dist., Taichung City 41362, Taiwan, ROC
Website	http://www.tari.gov.tw; E-mail: jtar@tari.gov.tw; Tel: +886-4-2331-7236
Submission	http://aspers.airiti.com/JTAR
Press	Airiti Press Inc.
Address	18F., No.80, Sec.1, Chenggong Rd., Yonghe Dist., New Taipei City 23452, Taiwan, ROC
Tel	+886-2-2926-6006
E-mail	press@airiti.com
Price	NT$ 175 (per copy)
Distributor	1. GB Books / 1F., No.209, Songjiang Rd., Taipei City 10485, Taiwan, ROC GB Website: http://www.govbooks.com.tw; Tel: +886-2-2518-0207 2. Wunan Books / No.6, Zhongshan Rd., Taichung City 40042, Taiwan, ROC Tel: +886-4-2226-0330

台灣農業研究

JOURNAL OF TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH

Vol.64 No.4 2015

Research Articles

243 Effect of Ventilation on Growth Parameters, Acclimation and Stomatal Development in Micropropagated Banana Plantlets

Han-Wei Chen, Min-Tze Wu, and Uei-Chern Chen

253 The Development and Application of Molecular Markers of Wild Rice

Yann-Rong Lin, Hsiang-Ting Chien, Han-Shiuan Chin, Hung-Ying Lin, Hsing-Mu Yen, Woei-Shyuan Jwo, Dong-Hong Wu, Ming-Hsing Lai, and Charng-Pei Li

279 Establishment and Application Prospect of the Geographic Information System for the Wild Relatives of Horticultural Crops

Shu-Fen Chang, Hui-Lung Chiu, Wen-Liang Chiou, and Chien-Wen Chen

290 Damage of Red Banded Thrips [*Selenothrips rubrocinctus* (Giard)] on Litchi Leaves and Efficacy Tests of Some Insecticides

Tai-Chuan Wang, Hui-Zhen Lu, Shou-Horng Huang, and JenYu Chang

299 Increasing Drought Tolerance of Aroma Rice 'CNY911303' Using Marker-Assisted Selection

Chieh-Wei Kuo, Keung-Hung Lin, Yong-Pei Wu, Yann-Rong Lin, Jen-Hao Hsu, and Yu-Chia Hsu

317 Effects of Climatic Factors during Grain Filling Stage on Yield and Quality of Rice: A Case Study of Cultivar 'TK 9'

Chia-Hsun Ho, Chwen-Ming Yang, Chiao-Ling Hsiao, and Ming-Hsin Lai

Short Communications

330 Evaluation of Plant Volatile Bait in Trapping Oriental Fruit Fly [*Bactrocera dorsalis* (Hendel)]

Yaw-Jen Dong and Chien-Chung Chen

336 Evaluation of the Attractiveness of Plant Volatiles to the Oriental Fruit Fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel) (Diptera: Tephirtidae)

Yaw-Jen Dong and Chien-Chung Chen

ISSN 0022-4847

9770022484003

Published by Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture